

EDV 09 / 646778

**PRIORITY  
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)



REC'D	09 JUL 1999
WIPO	PCT

**Bescheinigung**

EDV

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat eine  
Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovarumorgewebe"

am 9. April 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprüngli-  
chen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole  
C 07 K, A 61K und C 07 H der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 12. Mai 1999

**Deutsches Patent- und Markenamt**

**Der Präsident**

Im Auftrag

Seiler

Aktenzeichen: 198 17 557.4

## Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovarialtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovarialtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist ( $> 2000$  Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebetyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No.123 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-50, 52-57.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-50, 52-57.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-50, 52-57 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123, die im Ovariumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1, 2, 18, 34, 51, 56, 61, 89, 98, 101, 106,, die im Testistumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 60, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-50, 52-57 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-50, 52-57 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs,  $\phi$ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 124 - 257.



Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 124-257 aufweisen.

5

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 123 kodiert werden.

10

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 124 - 257 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

15

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

25

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 124 bis 257 enthalten.

30

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 103, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

40

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

45

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 103, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

50

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

## Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

## Erklärung der Abbildungen

Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

## Beispiel 1

### Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

15

25

30

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovartumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

45

50

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

## Beispiel 2

### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

#### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

##### 2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0195		0.0179		1.0896	0.9178
	Brust	0.0141		0.0244		0.5758	1.7366
	Duenndarm	0.0184		0.0165		1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0030		0.0182		0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136		0.0226		0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0211		0.0185		1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0126		0.0082		1.5299	0.6536
	Haematopoetisch	0.0080		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0847		0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095		0.0065		1.4706	0.6800
	Herz	0.0233		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0062		0.0143		0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0153		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000		0.0060		0.0000	undef
	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610

	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
5	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
10	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			

15		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
20	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

30		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
35	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0244
40	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0040
45	Prostata	0.0479
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## 50 2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

## Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
10	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
	Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
	Hoden	0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
	Lunge	0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
35	Zervix	0.0106			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
40	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0626			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0303			
50	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
60	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## 2.1.3

- 5 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

## 10 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

15		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
30	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
35	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
40	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

50		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
55	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
60	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

65		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0136

Eiersack\_n 0.0000  
 Eierstock\_t 0.1418  
 Endokrines\_Gewebe 0.0000  
 Foetal 0.0047  
 5    Gastrointestinal 0.0244  
      Haematopoetisch 0.0000  
      Haut-Muskel 0.0000  
      Hoden 0.0154  
 10    Lunge 0.0000  
      Nerven 0.0000  
      Prostata 0.0137  
      Sinnesorgane 0.0000  
      Uterus\_n 0.0000

15

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N	
Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
Brust	0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
Gehirn	0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
30    Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
35    Lunge	0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
40    Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
45    Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
50    Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
Zervix	0.0000			

50

FOETUS  
%Haeufigkeit

55

Entwicklung 0.0000  
 Gastrointestinal 0.0083  
 Gehirn 0.0125  
 .Haematopoetisch 0.0157  
 Haut 0.0000  
 60    Hepatisch 0.0000  
 Herz-Blutgefuesse 0.0142  
 Lunge 0.0145  
 Nebenniere 0.0254  
 Niere 0.0000  
 65    Placenta 0.0061  
      Prostata 0.0000  
      Sinnesorgane 0.0000



## NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
5	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
10	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
15	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
65	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0039	0.0128		0.3051	3.2777
		Brust	0.0141	0.0075		1.8715	0.5343
		Duenndarm	0.0123	0.0165		0.7415	1.3487
		Eierstock	0.0120	0.0390		0.3070	3.2573
10		Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376		0.7698	1.2990
		Gastrointestinal	0.0211	0.0324		0.6508	1.5365
		Gehirn	0.0126	0.0144		0.8742	1.1439
		Haematopoetisch	0.0174	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0184	0.0000		undef	0.0000
15		Hepatisch	0.0048	0.0194		0.2451	4.0800
		Herz	0.0106	0.0000		undef	0.0000
		Hoden	0.0173	0.0000		undef	0.0000
		Lunge	0.0218	0.0204		1.0669	0.9373
		Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153		1.2605	0.7933
20		Muskel-Skelett	0.0137	0.0000		undef	0.0000
		Niere	0.0190	0.0205		0.9252	1.0808
		Pankreas	0.0099	0.0110		0.8974	1.1143
		Penis	0.0150	0.0000		undef	0.0000
		Prostata	0.0109	0.0106		1.0236	0.9769
		Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000		undef	0.0000
		Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408		0.3741	2.6732
		Uterus_allgemein	0.0306	0.0000		undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0192				
		Prostata-Hyperplasie	0.0208				
30		Samenblase	0.0089				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0217				
		Zervix	0.0319				

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
		Entwicklung	0.0557
		Gastrointestinal	0.0167
40		Gehirn	0.0063
		Haematopoetisch	0.0079
		Haut	0.0000
		Hepatisch	0.0000
		Herz-Blutgefuesse	0.0213
45		Lunge	0.0181
		Nebenniere	0.0254
		Niere	0.0185
		Placenta	0.0121
		Prostata	0.0000
50		Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55		Brust	0.0476
		Eierstock_n	0.3190
		Eierstock_t	0.0101
		Endokrines_Gewebe	0.0000
		Foetal	0.0151
60		Gastrointestinal	0.0000
		Haematopoetisch	0.0057
		Haut-Muskel	0.0000
		Hoden	0.0309
		Lunge	0.0082
65		Nerven	0.0010
		Prostata	0.0000
		Sinnesorgane	0.0310
		Uterus_n	0.0458

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northrup für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427	23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
	Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0249
45	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0458



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0094	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0050	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0111	0.0113	0.9818	1.0186
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0093	0.0082	1.1431	0.8748
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0066	0.0221	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0241
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0039	0.0000		undef	0.0000
		Brust	0.0013	0.0000		undef	0.0000
		Duenn darm	0.0031	0.0165		0.1854	5.3946
		Eierstock	0.0030	0.0234		0.1279	7.8175
10		Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125		0.0000	undef
		Gastrointestinal	0.0000	0.0046		0.0000	undef
		Gehirn	0.0044	0.0021		2.1599	0.4630
		Haematopoetisch	0.0027	0.0000		undef	0.0000
		Haut	0.0110	0.0000		undef	0.0000
15		Hepatisch	0.0048	0.0065		0.7353	1.3600
		Herz	0.0042	0.0000		undef	0.0000
		Hoden	0.0000	0.0117		0.0000	undef
		Lunge	0.0104	0.0041		2.5402	0.3937
		Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000		undef	undef
20		Muskel-Skelett	0.0000	0.0060		0.0000	undef
		Niere	0.0000	0.0000		undef	undef
		Pankreas	0.0083	0.0000		undef	0.0000
		Penis	0.0060	0.0000		undef	0.0000
		Prostata	0.0022	0.0021		1.0236	0.9769
		Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000		undef	undef
		Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000		undef	undef
		Uterus_allgemein	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust-Hyperplasie	0.0096				
30		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
		Samenblase	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0118				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				
		Zervix	0.0319				
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
40		Gastrointestinal	0.0028				
		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0039				
		Haut	0.0000				
		Hepatisch	0.0000				
45		Herz-Blutgefuesse	0.0036				
		Lunge	0.0000				
		Nebenniere	0.0000				
		Niere	0.0062				
		Placenta	0.0000				
50		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0251				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
55		Brust	0.0000				
		Eierstock_n	0.0000				
		Eierstock_t	0.0203				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0128				
60		Gastrointestinal	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0259				
		Hoden	0.0077				
		Lunge	0.0164				
65		Nerven	0.0100				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Uterus_n	0.0333				

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0071	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0029	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0020	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
40	Gastrointestinal	0.0056	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
45	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
50	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
60	Foetal	0.0099	
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0171	
	Haut-Muskel	0.0097	
65	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0246	
	Nerven	0.0060	
	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0387	
	Uterus_n	0.0250	



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
60	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northrup für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0217			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0026		3.0509	0.3278
	Brust	0.0038		0.0113		0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0123		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0030		0.0702		0.0426	23.4526
10	Endokrines_Gewebe	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0556		0.0278		2.0018	0.4995
	Gehirn	0.0000		0.0010		0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0323		0.0000	undef
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0062		0.0082		0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0077		1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0000		0.0110		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0255		0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192					
30	Prostata-Hyperplasie	0.0357					
	Samenblase	0.0890					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0213					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.0167					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
50	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
60	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0082					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duennndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
10	Endokrines_Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
20	Muskel-Skelett	0.1045	0.0480	2.1773	0.4593
	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
30	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0333	
40	Gehirn	0.0626	
	Haematopoetisch	0.0590	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0391	
45	Lunge	0.0650	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0432	
	Placenta	0.0424	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0126	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0152	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0052	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0573	
65	Nerven	0.0181	
	Prostata	0.0342	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0333	

## Elektronischer Northen für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0026	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Duennndarm	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	0.0000	undef	
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	0.0000	undef	
	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	0.0000	undef	
	Gehirn	0.0022	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	0.0000	undef	
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	0.0000	undef	
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842		
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef		
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0033	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035		
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef		
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
50	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55							
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0023					
60	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0020					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0963	0.1245	8.0347
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0881	0.0740	1.1907	0.8398
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
30	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0250	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0253	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
40	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
45	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
60	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
65	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0286	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
30	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
65	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0291

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
40	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0499	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
65	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0320
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0078	0.0179	0.4358	2.2944
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117	4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112	1.4060
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0142			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer North Star für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0000		undef	0.0000
	Brust	0.0013		0.0038		0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0052		0.0051		1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0032		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0031		0.0020		1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0060		0.2856	3.5020
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0017		0.0221		0.0748	13.3713
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0043		0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0082					
60	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
65	Nerven	0.0060					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
10	Endokrines Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0222
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0178	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0152	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0060	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
45	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0076
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0120
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duenndarm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
15	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
20	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
40	Gehirn	0.1189			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0818			
45	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0251			
55					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
60	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
65	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0835	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0375	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0213	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0182	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0162	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0241	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0665	0.1173	8.5221
	Brust	0.0217	0.0169	1.2854	0.7779
	Duennndarm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0421	0.0925	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0163	0.0647	0.2514	3.9775
	Haematopoetisch	0.0214	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.0307	0.0412	0.7453	1.3418
	Hoden	0.0058	0.0819	0.0703	14.2284
	Lunge	0.0426	0.0675	0.6312	1.5843
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0537	0.1801	5.5532
20	Muskel-Skelett	0.0257	0.0480	0.5354	1.8677
	Niere	0.0000	0.0822	0.0000	undef
	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0090	0.0800	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0192	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0278
40	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0356
45	Lunge	0.0542
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0491
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0383	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0301	0.4679	2.1374
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0234	0.2558	3.9088
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0074	0.0185	0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0615	0.0275	2.2358	0.4473
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0171	0.0660	0.2596	3.8522
	Niere	0.0027	0.0479	0.0566	17.6536
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.1290	0.1181	8.4650
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0305
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
45	Lunge	0.0217
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.2742
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Brust	0.0000		0.0150		0.0000	undef
	Duenndarm	0.0675		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0208		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0153		0.0139		1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022		0.0154		0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0323		0.0000	undef
	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0020		0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	6.3239		0.7179		8.8087	0.1135
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
30	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.2721					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0354					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
60	Gastrointestinal	0.2685					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0097					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0083					

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727	5.7908
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922	2.5500
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0163	0.0616	0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795	0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0222			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0141	0.0056	2.4953	0.4008
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0364	0.2467	4.0535
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0169
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer North Star für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0342
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
40	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0128	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0338	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0150	0.0416	0.3598	2.7796
10	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0125	2.9887	0.3346
	Gastrointestinal	0.0441	0.0278	1.5877	0.6299
	Gehirn	0.0118	0.0246	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
	Herz	0.0244	0.1375	0.1773	5.6394
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0457	0.0429	1.0645	0.9394
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0274	0.0360	0.7615	1.3133
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0165	0.0110	1.4957	0.6686
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0426	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.4222	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1110			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0788			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duenndarm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
10	Endokrines_Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
15	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
20	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
30	Samenblase	0.0712			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0557	
	Gastrointestinal	0.1083	
40	Gehirn	0.0500	
	Haematopoetisch	0.0944	
	Haut	0.2513	
	Hepatisch	0.0260	
	Herz-Blutgefuesse	0.0712	
45	Lunge	0.1409	
	Nebenniere	0.0507	
	Niere	0.1297	
	Placenta	0.0545	
	Prostata	0.0499	
50	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0340	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0253	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0163	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0292	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0090	
	Prostata	0.0274	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duenn darm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
15	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
20	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0305
40	Gehirn	0.0313
	Haematopoetisch	0.0393
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
45	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0679
	Placenta	0.0364
50	Prostata	0.0997
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1468
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0105
60	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiseroehre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.1246			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northen für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0511	1.2966	0.7712
	Brust	0.0371	0.0301	1.2335	0.8107
	Duennndarm	0.0491	0.0827	0.5932	1.6858
	Eierstock	0.0180	0.0494	0.3636	2.7506
10	Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0401	1.1462	0.8724
	Gastrointestinal	0.0383	0.0324	1.1833	0.8451
	Gehirn	0.0222	0.0144	1.5428	0.6482
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0259	0.9191	1.0880
	Herz	0.0392	0.0275	1.4263	0.7011
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.0249	0.0327	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
20	Muskel-Skelett	0.0171	0.0240	0.7139	1.4008
	Niere	0.0326	0.0137	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0165	0.0497	0.3324	3.0085
	Penis	0.0509	0.0267	1.9094	0.5237
	Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0225			
	Zervix	0.0426			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0974
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0375
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0605
45	Lunge	0.0253
	Nebenniere	0.0761
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0667
	Prostata	0.0997
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duennndarm 0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock 0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0100	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn 0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
15	Hepatisch 0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
	Herz 0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden 0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge 0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
	Niere 0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas 0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1838			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0696
	Gastrointestinal 0.0194
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0107
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.2302
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.1632

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0128
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0231
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0310
	Uterus_n 0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0416	0.4317	2.3163
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0498	0.1156	0.4307	2.3216
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35

40

45

FOETUS  
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN  
%Haeufigkeit

55

60

65

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duennndarm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0250
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
45	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0256
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.1084
	Uterus_n	0.0250

## Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duennndarm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
10	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
40	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
65	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0416			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0157
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0250



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
10	Endokrines_Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
20	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
30	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0696	
	Gastrointestinal	0.1971	
40	Gehirn	0.0500	
	Haematopoetisch	0.0551	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.1040	
	Herz-Blutgefuesse	0.0427	
45	Lunge	0.1120	
	Nebenniere	0.1521	
	Niere	0.0309	
	Placenta	0.1212	
	Prostata	0.0748	
	Sinnesorgane	0.0628	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0304	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0262	
60	Gastrointestinal	0.1220	
	Haematopoetisch	0.0285	
	Haut-Muskel	0.0356	
	Hoden	0.0309	
	Lunge	0.2211	
65	Nerven	0.0502	
	Prostata	0.0615	
	Sinnesorgane	0.1471	
	Uterus_n	0.0125	

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0438
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0427
45	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0491
65	Nerven	0.0231
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
40	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
45	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0341			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0333

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0435	0.5384	1.8574
	Brust	0.0512	0.0470	1.0888	0.9184
	Duenndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0449	0.0754	0.5955	1.6793
	Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0502	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0441	0.0509	0.8660	1.1547
	Gehirn	0.0214	0.0442	0.4856	2.0595
	Haematopoetisch	0.0682	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0551	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0285	0.0453	0.6303	1.5867
15	Herz	0.0604	0.0962	0.6278	1.5929
	Hoden	0.0345	0.0819	0.4217	2.3714
	Lunge	0.0322	0.0736	0.4375	2.2858
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0613	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0480	0.4640	2.1551
20	Niere	0.0679	0.0616	1.1014	0.9079
	Pankreas	0.0430	0.0828	0.5185	1.9286
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985	1.1129
	Prostata	0.0392	0.0490	0.8011	1.2483
	Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0611	1.3717	0.7290
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0703			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0639			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0974
	Gastrointestinal	0.0777
	Gehirn	0.0751
40	Haematopoetisch	0.0511
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0569
	Lunge	0.0578
45	Nebenniere	0.1521
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.1632

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0979
	Foetal	0.0326
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0486		0.4014	2.4911
	Brust	0.0064		0.0338		0.1890	5.2900
	Duenn darm	0.0153		0.0165		0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030		0.0182		0.1645	6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0136		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0134		0.0139		0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052		0.0123		0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361		0.0379		0.9528	1.0496
	Haut	0.0184		0.0847		0.2166	4.6168
15	Hepatisch	0.0048		0.0388		0.1225	8.1599
	Herz	0.0074		0.0962		0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115		0.0234		0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665		0.0573		1.1612	0.8612
	Magen-Speiserohre	0.0193		0.0383		0.5042	1.9833
20	Muskel-Skelett	0.0788		0.0300		2.6271	0.3807
	Niere	0.0027		0.0068		0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116		0.0166		0.6980	1.4326
	Penis	0.0000		0.0800		0.0000	undef
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0954		0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682					
	Zervix	0.0000					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0111	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0364	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0557	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0201	0.0275	0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0852			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0116
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0051		0.0000	undef
	Brust	0.0115		0.0132		0.8750	1.1429
	Duenndarm	0.0337		0.0496		0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030		0.0390		0.0768	13.0292
10	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0251		0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0747		0.0879		0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048		0.0194		0.2451	4.0800
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0351		0.0000	undef
	Lunge	0.0042		0.0143		0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0483		0.0077		6.3027	0.1587
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0163		0.0137		1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231		0.0166		1.3960	0.7163
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
30	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0106					

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
40	Gastrointestinal	0.0083	
	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0124	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duennndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
10	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
20	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
30	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
40	Gehirn	0.0938			
	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
45	Lunge	0.0397			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.1381			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0753			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0051		0.7627	1.3111
	Brust	0.0013		0.0038		0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0025		1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057		0.0093		0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015		0.0041		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0042		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0010		0.0061		0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0000		undef	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0136		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017					
	Zervix	0.0000					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0010					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Norhern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duenndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
30	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0167
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0325
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0169
60	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0083

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0242
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0272
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 104

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0000		0.0000		undef	undef
	Duennndarm	0.1809		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0240		0.0598		0.4004	2.4973
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.2184		0.0416		5.2461	0.1906
	Gehirn	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch	0.0143		0.0453		0.3151	3.1733
	Herz	0.0000		0.0000		undef	undef
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0000		0.0000		undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0193		0.0460		0.4202	2.3799
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0000		undef	undef
	Niere	0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas	0.0066		0.0221		0.2991	3.3428
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.0083					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0006					
60	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0000					

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
10	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
30	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0500	
40	Gehirn	0.0876	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0142	
45	Lunge	0.0434	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0556	
	Placenta	0.0364	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.1130	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0490	
	Foetal	0.0047	
60	Gastrointestinal	0.0488	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0356	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0410	
65	Nerven	0.0402	
	Prostata	0.0205	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0375	

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0639		0.3051	3.2777
	Brust	0.0333		0.0470		0.7077	1.4129
	Duennndarm	0.0399		0.1819		0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150		0.0702		0.2132	4.6905
10	Endokrines_Gewebe	0.0238		0.0903		0.2642	3.7857
	Gastrointestinal	0.0900		0.1110		0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067		0.0267		0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0587		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143		0.0323		0.4412	2.2666
	Herz	0.0011		0.0962		0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000		0.0234		0.0000	undef
	Lunge	0.0062		0.0184		0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0483		0.3527		0.1370	7.2985
20	Muskel-Skelett	0.0000		0.0360		0.0000	undef
	Niere	0.0733		0.1575		0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694		0.0276		2.5128	0.3980
	Penis	0.0090		0.0533		0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109		0.0255		0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0272		0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000		0.4771		0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576					
	Prostata-Hyperplasie	0.0119					
30	Samenblase	0.1068					
	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061					
	Zervix	0.0319					

		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0111	
40	Gehirn	0.0813	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0145	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0309	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0122	
60	Gastrointestinal	0.4149	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0573	
65	Nerven	0.0040	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0285
	Haut-Muskel	0.0324
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0246
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0128	2.1356	0.4682
	Brust	0.0141	0.0169	0.8318	1.2023
	Duennndarm	0.0215	0.0496	0.4325	2.3120
	Eierstock	0.0090	0.0364	0.2467	4.0535
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0155	0.0113	1.3745	0.7276
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0411	0.1983	5.0439
30	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
35	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0320			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
40	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
45	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
50	Entwicklung	0.0696
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
55	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0285
	Lunge	0.0181
60	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
65	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
70	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
75	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
80	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0137
85	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines_Gewebe	0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0446			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0222
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0197
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
45	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0408
60	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0410
65	Nerven	0.0151
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0125

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 112

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
40	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0251

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0354
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0375

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
20	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139	
	Gastrointestinal	0.0611	
40	Gehirn	0.0063	
	Haematopoetisch	0.0157	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0320	
45	Lunge	0.0397	
	Nebenniere	0.0507	
	Niere	0.0247	
	Placenta	0.0303	
	Prostata	0.1247	
50	Sinnesorgane	0.0377	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.1595	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0029	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
65	Nerven	0.0050	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167



## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

## Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
40	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
45	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
50	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
60	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
65	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0741	0.0256	2.8983	0.3450
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0426	0.0100	4.2453	0.2356
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0416	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0266	0.0267	0.9969	1.0031
	Haematopoetisch	0.0441	0.0379	1.1645	0.8587
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
	Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0384	0.0286	1.3427	0.7448
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0274	0.0420	0.6527	1.5321
20	Niere	0.0136	0.0137	0.9913	1.0088
	Pankreas	0.0083	0.0718	0.1151	8.6914
	Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0305	0.0298	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0528	0.3841	2.6035
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0954	0.2135	4.6839
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0106			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0305
	Gehirn	0.0313
40	Haematopoetisch	0.0275
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0289
45	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0247
	Placenta	0.0424
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0861
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0250
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0778
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0201
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0387
	Uterus_n	0.0583

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 119

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

55		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0090
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

## Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duennndarm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
10	Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
20	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
30	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
45	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0466			
60	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1474			
65	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

## Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0182
50	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0134
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125



## 2.2 Fisher-Test

5 Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz  $S$  eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu  $S$  homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu  $S$  gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im  
15 nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz  $S$  vollzieht sich in drei Schritten:

- 25 1. Ermittlung aller zu  $S$  homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 30 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz  $C$  aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz  $C$  wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz  $S$ . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für  $S$  abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht,  $C$  in gleicher Weise wie  $S$  zu verlängern. Diese  
40 Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  ( $i$ : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

50

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

- 5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der
- 10 vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	94.40		470	2434	
2	98.27		341	798	
3	93.44		252	882	
4	100.00		344	2901	
5	93.44		260	579	
6	96.40		244	2809	
7	98.27		230	910	
8	96.64		251	1447	
9	99.11		252	671	
10	98.27		315	803	
11	96.64		404	427	
12	99.11		240	828	
13	96.64		216	552	
14	99.11		422	901	
15	96.64		107	993	
16	95.85		325	2273	
17	99.44		242	2391	
18	97.55		442	986	
19	93.44		102	526	
20	99.11		160	1765	
21	93.44		309	746	
22	96.64		249	659	
23	98.27		271	357	
24	93.44		226	890	
25	93.37		340	651	
26	99.93		260	1256	
27	93.44		349	694	
28	96.64		337	1927	
29	93.44		212	672	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
30	100.00	unbekannt	265	269	
31	93.44	unbekannt	267	604	
32	96.64	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain	266	781	
33	99.94	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	231	304	
34	100.00	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	347	1528	
35	97.55	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA	226	499	
36	93.44	Mus musculus formin binding protein 21	251	1396	
37	100.00	Humanes Homolog zu Xenopus laevis cement gland-specific (XAG-2) protein	250	1018	
38	99.54	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein	262	808	
39	99.88	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725	295	1139	
40	95.68	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p	383	2177	Chr. 17
41	99.11	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrintestinal peptide, swine	254	402	
42	93.44	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein	194	1349	Chr. 8, D8S549-D8S1733
43	93.44	unbekannt	268	3552	
44	99.76	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)	210	601	
45	99.44	Humanes Homolog zu M. musculus Tera	240	2147	
46	96.64	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	260	623	
47	95.68	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	422	781	Chr. 2, D2S388-D2S2181
48	97.34	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	261	1714	Chr. 10, D10S551-D10S532
49	93.44	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	280	831	
50	93.44	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1	259	744	
51	95.68	Humanes NipsNap2 Protein	358	2017	
52	95.58	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	252	856	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
53	93.42	Humanes Homolog zu B.taurus mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex	231	540	Chr.3, D3S1310-D3S1575
54	93.44	unbekannt	260	1912	
55	94.40	unbekannt	535	1962	
56	97.55	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	272	1458	
57	95.68	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	255	2188	Chr.10, D10S581-D10S210
58	99.47	Y box binding protein-1 (YB-1)	261	1548	
59	99.44	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	239	1254	
60	99.03	Trefoil factor 1	231	577	
61	99.31	thymosin beta-10	145	263	
62	92.74	SPARC/osteonection	255	425	
63	99.11	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	257	954	
64	93.44	Mucin 5, subtype B	152	647	
65	99.88	Humanes Annexin IV	238	2213	
66	97.44	Human Xq13 3' end of PAC 92E23 containing the X inactivation transcript (XIST) gene	376	1728	
67	95.58	Human X2 box repressor	355	2878	
68	92.43	Human transcriptional coactivator PC4	269	701	
69	96.64	Human tetratricopeptide repeat protein	399	817	
70	95.58	Human tax1-binding protein TXBP151	273	2686	
71	95.26	Human spermidine/spermine N1-acetyltransferase	253	827	
72	99.78	Human prothymosin alpha	242	922	
73	99.48	Human profilin	241	870	
74	100.00	Human pepsinogen C	173	1418	
75	97.31	Human p97	257	3041	
76	100.00	Human osteopontin	248	1712	
77	91.29	Human nonspecific crossreacting antigen	210	2273	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
78	95.85	Human non-histone chromosomal protein	371	1273	
79	99.31	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	249	2342	
80	92.43	Human mRNA for KIAA0332	297	1959	
81	99.05	Human mRNA for KIAA0078	454	3708	
82	99.52	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	386	3045	
83	97.71	Human major nuclear matrix protein	234	2815	
84	99.68	Human Ku (p70/p80) subunit	275	3462	
85	99.56	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	244	668	
86	97.55	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	262	671	
87	99.31	Human H3.3 histone	267	1121	
88	92.43	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)	239	1108	
89	99.11	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)	248	720	
90	98.27	Human enhancer of rudimentary homolog	241	837	
91	96.64	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)	240	498	
92	98.27	Human decay-accelerating factor mRNA	261	1077	
93	99.22	Human chromosome segregation gene homolog CAS	252	1755	
94	99.92	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	233	1545	
95	99.98	Human calmodulin	436	1133	
96	93.44	Human Bax alpha	149	791	
97	99.92	Human antileukoprotease (ALP)	252	599	
98	93.44	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	248	643	
99	96.64	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	250	860	
100	99.82	Homo sapiens mRNA for galectin-3	241	1155	
101	98.56	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	252	522	
102	98.82	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	243	1628	
103	96.64	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	243	605	
104	97.10	Homo sapiens galectin-4	230	1183	
105	99.55	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	347	2731	
106	99.95	Homo sapiens CD24 signal transducer	212	2194	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe (%)	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
107	99.11	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)	231	1812	
108	96.64	Histone H2B	255	890	
109	97.44	High-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 1	274	274	
110	99.44	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	246	2627	
111	97.55	H.sapiens TROP-2 gene	258	976	
112	99.75	H.sapiens mRNA for Icln protein	283	1427	
113	98.43	H.sapiens mRNA for BIP protein	473	2639	
114	95.68	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	242	634	
115	100.00	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	146	719	
116	95.68	H.sapiens mRNA for Sm protein G	240	494	
117	99.11	H.sapiens for glutathione peroxidase-Gl	275	1065	
118	93.42	FK506-binding protein 1	231	2744	
119	93.44	E08543 cDNA encoding novel protein produced by glioblastoma, Patent besteht	251	521	
120	96.64	CDC28 protein kinase 2	220	648	
121	96.64	B-factor, properdin	301	1842	
122	99.00	Annexin II	246	1596	
123	98.27	ADP-ribosylation factor like 1	264	1033	

## TABELLE II

DNA-Sequenzen  
Seq. ID. No.

1

2

3

4

5

6

7

8

9

10

11

12

13

14

15

Peptid-Sequenzen (ORF's)  
Seq. ID. No.

124

125

126

127

128

129

130

131

132

133

134

135

136

137

138

139

140

141

142

143

144

145

146

147

148

149

150

151

152

153

154

155

156

157



16

17

18

19

20

21

22

23

24

25

26

27

28

29

30

31

32

158

159

160

161

162

163

164

165

166

167

168

169

170

171

172

173

174

175

176

177

178

179

180

181

182

183

184

185

186

187

188

189

190

191

192

193

194

195

196

33

34

35

36

3738

39

40

41

42

4344

45

46

197

198

199

200

201

202

203

204

205

206

207

208

209

210

211

212

213

214

215

216

217

218

219

220

221

222

223

224

225

226

227

228

229

230

231

232

233

234

235

47

236

237

238

48

239

240

49

241

242

50

243

244

245

52

246

53

247

248

249

54

250

251

55

252

253

254

56

255

256

57

257

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

### Sequenzprotokoll

#### 10 (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

##### (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

15 (C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

(F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

20 (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovariumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 257

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgggatttta cccggtttta aaagogaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
tatgggtagg tccggttttc caacttgga aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcctggg aaaggcctgc 180
ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
ctttcacttc atttgtgttt tttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atgggtcaact 360
gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta actatatgta 420
ttttaactta gttttaatat ttccattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
aaagcacatt tggtttatta acccttgctc cttgcatggc tcattaggtt caaattataa 600
ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagctt gagtttccca ttttaaaatc 660
taaactagac atcttaattg gtgaaagtgt tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggc cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggg 960
gaggtggggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgaagg 1020
ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaaatttc 1080
ctagattgct attatttggt tgtaagttga gtattccaca gaaagtggta attatctctt 1140
ctctcttcct ccattagaaa attaggttaa taatggattc ctataatggg agcatcacca 1200

```

```

cttatttaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tctttttattc1260
tgccacatttt attgataaac agtgaaggaa ttttttaaaa attttttaaga attgtttgtc1320
acgtcattttt tagaaatggt ctacctgtat atggtaatgt ccagtttttaa aaatattgga1380
5 catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattgggtc tcacatatac ttctaaaaga1440
aacttttatg ttataagagt tacttttttg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
ttctgacatt ttaggaagga ggtaattggt tttaatgatg gataaacttg tgctgggtgt1560
ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgaccattg1680
ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct1740
10 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcatgtgca tccattgctg tcgtgagaga1860
caacatagca atatctggtg tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg1920
tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgcctcctag ttcactttgt gtcaagagct1980
aaaactgtga acctaacttt ctcttatttg tgggtaataa ctgaaaataa agattttattt2040
15 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaac aatcaaataa gatcatgttt attgtcatgt2100
gtttcctggt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtggt tataattttt aaattgaatt2160
ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
tatcttaagt actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
ggacttcctg ggatttaaat taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataa2340
20 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tgggtgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

### 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
50 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
atgtgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
55 gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcactgtaa gttgccttcc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacgggtggc gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660

```

cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttggt gaaaaagtg ggcaagacat720  
 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 798

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

30 attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccct 60  
 caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120  
 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180  
 tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccgggtgt240  
 gatcagtgtg tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacaa300  
 aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360  
 ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420  
 cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480  
 cagggtcctt tggcctacct ggagcaggca tctgccaaaca tccctgcacc tctgaagcca540  
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttgccac600  
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660  
 40 ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720  
 gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta780  
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttggt840  
 ttaaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

15  actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
    ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccgagc aagaagaggg 120
    tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
    cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaacatac ctctggatgg 240
    acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctc ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
    ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360
    taacacggtg ttttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420
    tattcgagaa gaaactctca gggaagtga agactcacac ttcttttcca ttactactga 480
    cgatgtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttggtgatga 540
    atctcataac ctaagagagg aatttatagg ctctctgect tatgaagccg atgcagaaa 600
25  tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
    tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
    tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttctt gtgccttaaa 780
    tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
    ggaagtttgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
30  tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaag gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
    tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcacttgt 1020
    tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggataaact atatagctgg 1080
    ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt 1140
    tcttaaaaaa gtcctatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
35  tgatgtcttc tttgcgcccg gtatgtgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260
    tggaaaatat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca 1320
    aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
    aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
    acattattca ggaacttaaa gatataattc cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500
    tatctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg 1560
    ctgacatgta tagaagtga ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt 1620
    ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atatagagct tccgtccacc atctatgaag 1680
    cccctccacc gcttgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcattgctg aaggtcctgt 1740
    gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta 1800
45  aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca 1860
    taaattttga tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata 1920
    caagtaagtc agagcttctt acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt 1980
    ttaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggagaagaa agccgtaagg tgtatgtaga 2040
    ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata 2100
50  atctacctgt ttaaattggc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt 2160
    ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgcgt gatctctgtt gatggcactc 2220
    tggaaattgt tcagttaagt catttttagc atagcattta ttactactgt ggatctctac 2280
    ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa 2340
    tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta 2400
55  agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc 2460
    tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtcttctctg aacttaagaa acaaatgac 2520
    aaagtgtgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacactctg ttgctgttta cattcctttg 2580
    tggagcctac atcttcttaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg 2640
    ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt 2700
60  ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc 2760

```

tacaaaataa gtgttggt ttatctagaa aaatatggaa aatatgtg ttatttttgg2820  
 tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2901

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

30

aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60  
 acaacatgac cggaagatt tcctaatttc accacagcct ggctctacct taagtcttta120  
 ataaaagctt gactgaaggt accaagggtg gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180  
 cagcatggta gacatcagtg gtggtaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240  
 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttggtcc300  
 agcccaacat cagtgcctct gagtttggtt actagaaaca aaggaagaat ttccttgtaa360  
 aaatatagac agagtatgcc ctggctttct cctcttgagc gaaggatgga ttctcccatt420  
 ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480  
 agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540  
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 2809 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

Name: 2252947 Len: 2809 Check: 1EDB

gcaggccctc	gtgccgtttg	cataaatagg	ttttctcact	cttctttttt	tccttctttt	60
atccctcact	ccctccocta	aaccctgctt	cagcacaatg	gactaattct	agcattctga	120
tcataaggcc	ctccattttc	ctaattgtgt	tcaaggaatc	tttttaggaa	aaatatccag	180
attattcatc	cacttttttt	agtatctact	aacaactcct	ttttttctct	agagagttat	240
gaaggaacag	gttgctcctg	tctggagtca	agctaaacac	atgatttggt	ttatcagcag	300
ctggagcaga	agttgaaaat	gtctttctgt	gagacagtaa	tttgctactg	aagctttatg	360
gcttgtttgc	actgattact	ccaggatcca	aaaacttggt	gaaagtcact	gaaacactca	420
aggcaaatta	ctttacagcc	ctgagtgtct	gtcaccatag	tttgcataat	gaatatgaat	480
cccattgggtg	tgtgatgtag	gaaatcctgt	agttgtatgt	tcttgaactg	aaatatgtga	540
ctcaaaaataa	ttaagactca	ttgtcatttt	tcatcttggt	attattgtgg	acaagttgac	600
atattaaatc	tctttgtctt	ctggtaagct	tagcttttaa	aatgcatttt	cccttgctct	660
gtctttaact	agatatatac	gcttatattt	atagtgggtt	tcacagacta	taaaattgaa	720
tgtatgaaat	ttttatttat	atcagtgtct	ttaataatga	agatatattt	ggagtaattg	780
tgtgtctctg	tagcgagtta	ttaatcatag	taagattttt	ttctcttcat	ttgtcttttt	840
tgtttcatat	taacaatttt	ttttttacac	ggacacaacc	ctctgacagt	ctttccaaat	900
attaaaatca	tttgaatatg	tatgctgtga	tctgaacact	gctcaagcca	tcaagcagtc	960
ttcatacagt	ttgcattata	aaatctcatt	aaattctcca	agaaaaaata	agttgaagaa	1020
ttttatttcc	tgaccatgca	tcccctggat	ttctgagttt	cagttcagat	tgtagatgac	1080
aatataagct	gccttccgaa	attgtcaaca	tctgaatgtt	aagtccattt	tccccatggg	1140
agaagcccg	agttccatga	agtatggatt	accatttgta	tttttcaact	acagtaaatg	1200
tatttttctt	attaattgtt	tgccttagga	atgatgaatt	acattttttg	ttccttcttal	1260
ccataaacat	ctgcattcct	cagctcagcc	ttccttgat	gttggttctt	tataaatggt	1320
tgagctgctg	atgcaggat	tgccaagcta	acagtacaaa	tcatttttaa	gaggaagctg	1380
gcgcgtatgg	cagccgagga	gcacactctg	caggacactg	gacaagacag	taaatattca	1440
acttttaaat	ctgattaaag	gagtataagt	aaagaatacg	taggtatata	taattggtga	1500
gacaaatatt	cacttttatt	atattttata	tattattttt	ttaatttggt	aaatactatc	1560
cagttttgta	gttgctcctg	ttgatttggt	tgatattaaa	gtattagtaa	taattgccag	1620
gaaactatca	ttagggaggg	tttagttggt	tgctgttttg	actgggaggg	atgatttaaa	1680
tttagtgcta	gaaaccaatt	ttagtgactg	cacagtttat	catttgctcag	acagaaggta	1740
gctataaaag	taccctgtaa	gtcatatcaa	aaaagttcag	aggaagatta	gtaaatattt	1800
atcaataaaa	ataaacattt	tgtttttcta	atatcttaac	atatcctccc	cttttaggagg	1860
aagaacgtgc	aaaacgtgag	gagctagagc	gaatactgga	agagaataac	cgaaaaattg	1920
cagaagcaca	agccaaactg	gccgaagaac	agttgagaat	tggtgaagaa	caaagaaaag	1980
ttcatgagga	aaggatgaaa	ctagaacaag	aacgacaacg	tcaacaaaaa	gaagaacaaa	2040
aaattatcct	gggcaagggg	aagtccaggc	caaaactgtc	cttctcatta	aaaaccaggg	2100
attaaattgc	aaactctgaa	ctttttacaa	agaaaaatgg	aaaaactttg	tatggtagct	2160
tcatgttgaa	gtgggttttt	gtttttgttt	ttgttttttt	aatttgtaaa	atctggaaag	2220
ttagcttggt	ctaatagggg	ctatgctctg	caattccctt	tttttttttt	ttttttcctt	2280
ccactaagtc	aaatccttat	cagatcattg	ttgtattcta	aggagtgaag	tatttttcac	2340
ctgtttggat	tctatattag	tggctctgag	aagagcagat	cacattgtaa	aactatggat	2400
ggctctgata	ggcttttact	gacccactgt	acttcagagt	tatactctgt	ttgtacatc	2460
ataatgctgg	ttttgtgtac	ttttgttttt	tttatatat	tataaaaaaa	gaaaaattg	2520
gtgattgcat	tgggaaattc	ccagggtatt	actggacctt	tggtgtgtat	tggtaaacca	2580
gtgtccttgt	gatactgttg	ctcttgatgt	tcctgatata	ggtaaggaaa	cagttggtca	2640
actctgatac	aaagtatata	tacagttcag	tattgtctct	gttcattttg	tttttatttc	2700
attgacaaaa	tcaaacacag	attccccatt	gtgtaataaa	atgattttgc	tgaataaagt	2760
aaagtcttaa	attcaaaaaa	aaaaaaaaaa	gaaaacaaaa	aaaaaaaaaa		2809

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 910 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```

25 agttcggcac agagaaagta ttttaaccta cctgtagaga tcctcgatcat ggaaagggtgc 60
   caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgagg120
   cttttgtatt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttggagt180
   gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggacatag aacaaccatg aatgagtggc240
   atgatccgtg cttaatgata aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
30 tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
   gaggaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
   ctttggtttt cctagctcca taccacacac cttaacctgt attatgaatt acatattaca480
   aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
   agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tggtagcatt600
35 aaattggttt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
   tacaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720
   gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
   tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
   gaaaagaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
40 aaaaaaaaaa
   
```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggatcatgaat catgtgacgg 60
tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggtt ccatgccatt 240
gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
cttggaactt caaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtggttcaa 420
tttaatcggt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttggttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
gtttcttaat ctgacagtgg tttcagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggcccc 660
tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
ttcagtcctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
attcagtggg tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcaa 900
ttgtacaata tgcccagggt tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
gacatatatt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtaggaa cataaaatgg1020
cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
aaatgaaaat tatagctaat gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtg1200
tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat ttttttgttc agactttttc1380
caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
ttgtaaa
1447

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
10 gaggaacctg aaccctctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
cccatgaaaag ctgtgggact ggcctggggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaagge tccgcagaac360
atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttgg gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
15 gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggtgtttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaa660
aaaagtcgac c                                     671

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 803 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```

gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctctggc180
agtgaaaaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtggatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
50 atcatcccag atggagaatg gttctgcca ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
55 gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720

```

ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780  
 ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 427 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60  
 aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tccgatggact120  
 gggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga aggggtctggc180  
 agtgaaaaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240  
 ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300  
 cttctgtgtg actcttgcca tagtggatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360  
 atcatcccag atggagaatg gttctgcccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420  
 ttagaggaac agttgcagga tttggatggt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480  
 agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540  
 ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600  
 ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660  
 gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720  
 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780  
 ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 828 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

15 agcacttcca ggctggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60  
gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcggtggc120  
tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180  
ccaagtcgca gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacggtcat240  
tctcatgaag atgacaatcc atttgagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300  
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360  
atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420  
atggacaaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480  
gatcttgttg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttggtcc tggggtgaag540  
tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttggtgga tgtagcacia tttccacact600  
gtgaaggcag tattagaaga cttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660  
gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcac gcttaataaaa agtgctgaga cacttggttac720  
25 ctaagtaaaa agcctgggtc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780  
cttggtatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

ttggtttccg gcgccaacca atgtgggagc tgtaatatga agagcttcct aaccaaagct 60  
tggtattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120  
ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180

tagtgcttag ggttaatttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240  
 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300  
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggttg aacaaaataa tatgtatttt360  
 gatttactta aagtgccttg aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420  
 5 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480  
 tgggaaccgc acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540  
 cttgtctaatt tc 552

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

ggcacgagcg gcacgagaga atgagcggta tgaatggacg aaagcgtctt aaagcatatt 60  
 tgaggaacac tttgacagac caaagggaag taacttggct ttgcttaaca taaattttga120  
 35 tataaaacac gacctggatt taatgggtgga cacatatatt aaactctata caagtaagtc180  
 agagcttctt acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt ttaaaaaatag240  
 gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga ccacttaatc300  
 actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata atctacctgt360  
 ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt ccagaagaga420  
 40 acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctt gatctctgtt gatggcactc tgggaattgtt480  
 tcagttaagt ctttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac ttgttggttg540  
 ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa tacattttat600  
 aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta agtatgttaa660  
 aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc tcaccaaaca720  
 45 aggatttcag tgtaggattt tgtctttctt ggaacttaaa ggaaacaaat ggacaaagtt780  
 ttgaatggga aaaggccgcg tgtttgttgc cacatcttcg ttgcccggtt tacattccgt840  
 tgggtgggagc ccacatcttg cccaggcttt ttagccgggt atatggttgg aacacttcgg900  
 t 901

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 993 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```

gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggto atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttggt120
gggttcattt ttttgaatca accacacttc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgcta atgtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact cttaaaggcct360
gggtggatca aattgctggt cagaggggaat atacaggga atggtaatgg tagactcact420
aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggtc catagtgtcg600
gatctcataa cttccgggct gggggccggc gtccctccgg gccttccagc ccggcgctctc660
cacagcttgg gccgcgcgct cctcggccgc ccgggggtct ggctggagcg gctcggccat720
gggcggcggtg acgctctggg agcctggcga gccgcgcaga ggccccgcac ccggggccgc780
cccgcctgcy tgtgcgcgcc ccgcgagggc ccgagatccc cctccgcaga ccgggtccct840
cctcccggcc gggctggaga ccgagccca ccgatgcgt ctgcctctgg accgcgaggg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccgga agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag                                     993

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:



(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaaatctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgsggg 120
agggagagcc tctctccccc tttctgtgt gagaggaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
10 ttaaattgtc aatgtgtcaa gtagcttggt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa tttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt ttccctcca agtttgtaac actcccttc 480
15 cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctgggtc aatgtttcat tagacttaag aacctaataa ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctactgttta atgcactgtt gaccttcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
atgctttatt aaggtcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc ttctcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
agtattttgt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtgt taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaaaaatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
25 gtatagatca cacaccggct gtattttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacal140
gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttggt aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
attcttgtgt atgtatatatt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tatttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
30 ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca1440
taacctaaat tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaattctg tccgggtgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggctgtg aatggggcac1560
cttcggccgt tcgaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggacaca1620
ctaagggttt gattttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
35 cacagggatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta1740
gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt ccccgaattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc accagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatataca1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatttcgtt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact2160
tgacgggct tgtctcact acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
45 accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 2391 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:

```

aggcggcctc ttttcattct gcgggaacgc totaggetgc caccacgccg gctggcccca 60
aaaacttcga tgggtgtggg gcggggcgtg gacgtccttg gcgtggctgc aggggaggcc 120
gcggcgggga aaatggcgga cgggaaggcg ggagacgaga agcctgaaaa gtcgcagcga 180
gctggagccg ccggaggacc tgaagaagaa gcagaaaaac ctgtgaaaac taagactgtt 240
tcttccagta atggagggga aagttccagt cgcagcgctg agaagcgatc agctgaagaa 300
gaagctgccg acctcccaac aaagcctaca aagatctcca agtttggatt tgccataggt 360
agtcagacga caaagaaagc atcagccata tccatcaaac ttggatcaag taagcctaaa 420
gaaactgttc caactcttgc tccaaaaact ctttcagtag cagcagcttt taatgaagat 480
gaagatagtg aaccagagga aatgcctcca gaagcaaaga tgaggatgaa gaatattgga 540
agggatacac caacatcagc tggaccaaac tccttcaata aaggaaaagca tgggttttct 600
gataaccaga agctgtggga gcgaaatata aaatctcatc ttggaaatgt ccatgaccaa 660
gacaattaaa tgatgttttg aaattggggt gtggggtggg tgtaaagtta aaaggaacag 720
tttccttttt taaagaatgg tataagacta tctttggagc cgcttttttt ttctttttca 780
tttttttaaa agattgagtg gtacactaat aaatgagagt ttgaaattag aggtaattta 840
tgttttatat acagatttca agacatttgc taattttgta gtttcattgt attagtttcc 900
aaaggttaca gataataaag aaatcagaaa tggtagcttt ttaagaattg catatttttt 960
tagacacaac tattagcaca ttaagaggga agcaaagtta ctgtctattt aaaactgcaa1020
gcagttaact ctcttaactc ctttattacc taaacttgtc tggctcccag gaacagcctt1080
atagagagag ggagtattgt attgggaaga aaatgttact gaactattga ctgaaagtaa1140
atthagataa aatacagctt ttttccttat gggcatttgt tttgtttcaa gtcatacata1200
actaggtatt gcattgctat ccgtgggatac agacgcttag ctcttaaaaag attttttttt1260
tatgtaaact gttgaatatt tgaaatagtc cacttcacct taatgggtct tgtctatctt1320
cattagtctt caaagaaaaa ccatttgcta ccaaagtaaa tcagtatttt gaatgtgctt1380
ctcttgtttt ttgtttatta gctagttcct gtaagcattt ccaccagaac ttgaggcaaa1440
tcgtaaggaa gctgtttctt ttaaaacaca aaccaccacc aaaaatttta atgtacatat1500
tgcttaagta tttggctgtt tttatttttt aaaaggataa aacaccaaaa aaaaaattaa1560
cattgtatga agatggaaaa taagaagatg cactttctgt aactttgtct aaggatttaa1620
attactaact tatgaactcc aatttgaatt gaacttaact atcggctttc ttactggtaa1680
aattatatgg tttattttta atgcgtacat attgaccaat ggcctctgaa aaagcacatt1740
ttagatactg aaattgaagg aaagaaaatg catcttcaaa catttttttg aatctcacca1800
catatacttt gttagatttg tgtattgtag ggtgtttgtt ttgtattttt gtattgtata1860
tgaacttttt ttaaattgtg cagttaaaca catctttaa agcatagtca cagacaaaag1920
catacagtat aaaaatttcc ttgaaaactc ctacaatatt atatttgag gcagcttcag1980
actgttttat tgggtgtagc tgcttgctga ggtcttttag ttgtaataa ctccagagaa2040
gcagcctgtg tatattccta acactttgtt cactagcatt taagttaga ataagcccaa2100
gtaagacaat ggaaatgtat atagaactct tagttcttac atgatttaat tatatcgata2160
catgaattta acttacttta atgtaggcaa actatcaatt ttttgtccat tttcctgttt2220
gttaaaataa catacctctc ctacgtatta tttcttgac ccaaataaaa tattaaccta2280
aggtcaagct gggagagaga aatgactgag atgaatgtct ttactaaagt accaataaat2340
ttgtcaaaact caaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa gtaaggggag g 2391

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 986 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

20

```
gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggaactttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
25 attgcatctc agtgtaaact ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttggt540
30 ttatttgcac cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaacct ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttggagaa tactcagttc720
caacttgtag ttcctgatag aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
agaggaatcc cagcgccttt taaaagtgt tatgtgggtt tcttttaaaa agctcctgtt840
35 tttggaaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaaa gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaaggg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga 986
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 526 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```

10 gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaat 60
   ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
   gcacagaaca aattatttgg tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
   ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca ttttttgggt tactcttcat240
   gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
   caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaagcg360
15 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacggtatga tacctaaaaa420
   gaaaaaagag ttaatcacct ctctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
   ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```

45 tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttggt aaataataat 60
   ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
   gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
   ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcaaa gctatgcata 240
   acagatgagc ttgaaagctg cagagttaa gatagactta atttttcatg attttccaa 300
   agccagtcac gatatttatt taatttgttg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
   aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
50 ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagtcttgac acatctctcc agtctgcggt 480
   tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
   tttgcctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
   aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
   acgtcgtggg gggctaagag cttctttgtt atatttgctg gaaaaataga ggcttgtttt 720

```

```

ccttctttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagtg aagtctttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggat cctcatactt 900
ctcgttgtgt tctgagtctt tgggtgaaca aaatttggtt atgatgccag aagttttttg 960
5 ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt1020
ttcttcaactg gtcacactga ggggtctcacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140
agattctctt ttgctatcac ttggaacaaa acctgaacag ctcttcctac atcctttttt1200
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt1260
10 tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaagtag tgggaagtaa1320
gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcttgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttag1440
atgggatgtc agggctgcc a tgcctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500
aagtacagta aaatcaaaat cttctggcct aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560
15 attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatatta1620
aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat1680
ttctaattaa tttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740
taaatggcac ttttaaagtg tttcc 1765

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

```

gttttttttt gttttcttta aatttgatg tctctacacc actcctgatt ttaggacta 60
aatagatcta tttattccaa tgcaaatgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120
aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctotta cactgagttc tttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcata gctgtaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300
50 tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcag gtagagttta420
aaaaacaata taagactgtg gtaagggtaca aacgcaaatg caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tgttctttct ttcttgccac aagacagggt540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcagggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
55 tctcaaagggt gtccacaaaag caaaaaaatc agaccaaag ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720

```

tgctaaatta ctaaaataat agccgc

746

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60  
 ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120  
 tgtttgatga ttgggaatga cattctttcc cccccagga aaaccttttg gactttcaga180  
 30 gacattgtgg cttagccaacc acatggctcag cctcaaagtt gagaggetca gtaaccctcc240  
 tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aattttaacta gaaagccatt ggtgactatc300  
 tgtgatccctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatatcttgc atccaaagcc agagggaacc360  
 acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420  
 atagtggcgt tcagctgata gagcggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa480  
 35 atatccaaga gaagatgaaa cttaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540  
 tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttggtgtg acccagaaat600  
 tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```

10  cgcagtgccg agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
    tctgtggcag cggcgccggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
    cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
    atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcacccctt gtttttggac240
    acagtctctt tactcagatc agctagtctt acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
15  aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaggctt gttgattagg ctggggcg 357
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

```

40  cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
    attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgcccg gactccgctc agtttccgg120
    gcggcgaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctagggtt gttacgaagc180
    tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtggtgatg gtcgagatgg tctccgggag240
45  cggcgagggt ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
    aatgggcttc ccaaacaactc ctactggttg gacctctggc ttttcacctt tttcgatgtg360
    gtgggtgttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
    gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
    tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttctct ttcattttac actttgttac540
50  taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
    attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaaccatc tgatggcttt acaggggctg660
    aatataaaag catttgtagt taaaggtctt gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
    tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
    taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaagg840
  
```

ttttgagagg aggggggccc aaggtgttcc tggggtttgc cgaggcggc

890

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

### 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 651 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

30

```

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgccgc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgctg ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120
gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt cctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggaggggaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccgaaggaaagtga tttgccccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccgaggagcgccca tgtagaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

```

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```

10  ctcgagccga attcggtctg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
    acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt ccttctgtct ggtggcactt 120
    agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggagggagga ttttatggag aaatggggat 180
    agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
    ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300
15  aaactatcta aaatagagca ttttggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
    catttaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggtcct tctgtctggt 420
    ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
    tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
    gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttota gctgtatgac 600
    tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tatttttagat agattaacat 660
    taaccaacat aatttttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
    tggttcatct ctttcacctg ctttttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
    gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
    tgtggtgtat tattaatatg aaaaaaaaaa ttttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
25  tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaatg aatttgcttt caaaataaat 960
    gaagagcagc tgtccttctt tcctctttta agtggttcagc tgtggcatgc tcagagggttc1020
    ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttcct1080
    ttcttgatc caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
    aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat ggtttggtat cactgtaaatt1200
30  aaaaagaggg cctgggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 694 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

55

5 gtttctaaag gatgt ag aaaccagagg taaaggtctc gcgat tt aagacatccg 60  
 gcgtagtacg cttcagtgag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt 120  
 gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggagc tcgcgaaagg aaagaggtcg 180  
 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaagggt gcttaggaag ttgaaaggcc 240  
 cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga 300  
 atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtggt ggattcggac ggagagcgcg 360  
 aggactcggc ggctgagcgc gcccgacagc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc 420  
 gcaatcgcat gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgcact gaccgtgact 480  
 10 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg 540  
 gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccggaca ccacatcggt tccattgagg 600  
 tgcagagggg gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca 660  
 gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

## 15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

40 gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60  
 agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120  
 tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtccac tctgcctgta acttagaaaa 180  
 cagcccctac ccccgagggt tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240  
 tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300  
 acttgtctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cttttttaaa aaacatcagt 360  
 45 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420  
 ctgcctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaataa taggtcctac cccaacgaca 480  
 cttacacaga gcccgagtaca gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540  
 acatcaaate ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagcccc 600  
 aaacgaagac acccactctg agtaggggtg atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660  
 50 agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720  
 aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780  
 tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcaactgat aaggctgtca 840  
 cgacttaacg agcctaagga ggaccatca gcacagctga acaccacgtg 900  
 gacccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960  
 55 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga 1020  
 gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg 1080

5 ttctgtgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagaggtgcc1140  
 accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagcaal200  
 agcagccccc attgaggttc caaggtcgtt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260  
 aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320  
 agtaaacata aaccaccaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc1380  
 tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaaggtgg gtgctgaacc cgtctttagt1440  
 gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct1500  
 ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctggttccg1560  
 gatccttccc ccgcatgttc atagacggac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag1620  
 10 ctgagtcctgg tgtccctca ggcgccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680  
 gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat1740  
 ctgagtgaat atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agccccccag1800  
 acacgtcatt cagctcagag taagacccca gggttgaggc aaggcagtac agcttgcaact1860  
 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgctccat cccacactga1920  
 15 ctctcct 1927

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 672 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

40 gccttttttat tttttttttt tggctgttat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60  
 cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120  
 agggctacag cgtgctttt atgtacacg gggtatgctt ggactctgac tcccagcagc180  
 aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcaccatca tgggaaacac cttccctttt240  
 45 cttcaggatt ctctgtagt gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300  
 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggctc taaggtgcca agaagtctca360  
 ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac tttcggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420  
 cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480  
 gaaaactggg gttaccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540  
 50 tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttctctt ctttctctt600  
 tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660  
 ctgagaggtt gc 672

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 269 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60  
 gagaaaattc cagtgtcagc attcttgccg cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120  
 gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180  
 cagaccctct ccagaagttg ggtgaacaa ctcactctgga ctcagacgta tgaagaagct240  
 ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 604 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

5 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc ccccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60  
 tcttgccgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggtccagaa120  
 tggctacaac agtccctgat gggtgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180  
 gtgataaggc tgaagcttgg ggcatcgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttggtga240  
 cctcgggtggc cttcatgctc actctcccga tcctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300  
 ggcgaaaaat gctgcctact cagtctctct tcctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360  
 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttcctct420  
 10 ttgggatcct cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc tcctgctgtc agtctgacca480  
 agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540  
 tcagcctagt ccaggatggt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600  
 aggt 604

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

40 ctttaattgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60  
 ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120  
 gttctaatacc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180  
 tgggtcaaaac tattgagtcc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240  
 actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300  
 tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360  
 tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggt tctggcaggg420  
 45 gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480  
 actgattata accactcggg caccatcgat gccacagaga tgaggacagc cctcaggaag540  
 gcaggtttca cctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggtg tgctgacgc600  
 aagcttggca tcaactttga cagcttcgtg gcttgatga tccgcctgga gacctcttc660  
 aaactattga gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccag720  
 50 tggctgtgct gcgtgttggt ctgaccgcgc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780  
 c 781

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 304 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```

ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgctactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtoga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcagggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaaggg300
gtgg                                     304
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

```

aattcggatc catggggccac agtgggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccgggcccgg gacaagagaa 180
5 gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaatata ttctttttaa gcagtatgca ggcaaataa tcctctttgt 300
caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttggg ccatttggct tgggtcattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac cagggtggggg 480
10 ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
attctacact ttctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
ccgcctcttt tgggaaccca tgaagatcca tgacatccgc tggaaactttg agaagtctct 660
ggtggggcca gatggcatac cggttatgcy ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
15 actgatgccc ccaccctacc cctacccctt gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840
ttcaggaagg aagccacatt ccagtcatt ctacccccac ccagattct ctttcttatt 900
acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960
tcccagtggt tgcattggct cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc 1020
catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat 1080
20 gagcccaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc 1140
ttggggccag catctcccac atgcccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttctt 1200
gaaggaccct cctgagcccc caagcccatc ccacagtgtc cctgagacca gccaaagacaa 1260
ctgtgagcgc gatggccgtg taccacaggt caggggtggt gtctctatga aggagggggc 1320
cgaagccctt gtgggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgattt 1380
25 caggcttagg ctcccaggca gggacactac cccgcgcct ctggaggaca tgctatctct 1440
tactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgcca gtaaaggctt ttctgcagca 1500
aaaaaaaaa agaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1528

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

30

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 499 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

55

```

ggcaggctctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca 120
cctcccagaa gccgggtgtg gggggggggc acgggggaga tcccaagctc agtccccaca 180
aagttcaggg ccggtcggag gcagggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct 240

```

5 cttccgactc cagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtga cagctgctg300  
 gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360  
 agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gccctggaca420  
 gggctcatta aaccttcctc tctgcctacg agtaccaacc acctggagct aagatgctta480  
 ggtggggggg ggccgccga 499

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

30 gggcaccogt tagttgggaa cagcggaaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtcttg 60  
 atcggaggga ggttcgggtg ggcacgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgctggg 120  
 aaagcgcgag tctgagtga accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcatggcg 180  
 gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtct gatagcagac 240  
 35 aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300  
 aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360  
 aaggagttag ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga ttgaaaaa 420  
 cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480  
 cctacctga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540  
 40 aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600  
 ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660  
 agtgaagacc gtttgggtag aaggtttaag tgaagatggg tttacctatt actataatac 720  
 agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780  
 gccttctagt aaggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840  
 45 ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900  
 agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaa agtcatggag gaagtgacct 960  
 agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaa1020  
 atcgaaaact cttaagaaat caaaccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080  
 tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140  
 50 ttcagaagct gatggtggcg gagaaccaa agtggtattt aaagaaaaaa cagtcaattc1200  
 tcttgagatt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260  
 ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacg aggtgatgat ccaatagttt gcaggagag1320  
 cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380  
 ttgtcccggtg ttttgt 1396

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:



## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1018 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

```

25 caagtaaatg cagcactagt ggggtgggatt gaggctatgc cctgggtgcat aaatagagac 60
   tcagctgtgc tggcacactc agaagccttga ccgcctccta gccgcgcgact cacacaaggc 120
   aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg gagaaaattc cagtgtcagc attcttgctc 180
   cttgtggccc tctctacac tctggccaga gataccacag tcaaacctgg agccaaaaag 240
   gacacaaagg actctcgacc caaactgccc cagaccctct ccagagggtg gggtgaccaa 300
   ctcactctgga ctcagacata tgaagaagct ctatataaat ccaagacaag caacaaaccc 360
30 ttgatgatta ttcatacactt ggatgagtgc ccacacagtc aagcttttaa gaaagtgttt 420
   gctgaaaata aagaaatcca gaaattggca gagcagtttg tctcctcaa tctggtttat 480
   gaaacaactg acaaacacct ttctcctgat ggccagtatg tccccaggat tatgtttgtt 540
   gaccatctc tgacagttag agccgatatc actggaagat attcaaaccg tctctatgct 600
   tacgaacctg cagatacagc tctgttgctt gacaacatga agaaagctct caagttgctg 660
35 aagactgaat tgtaaagaaa aaaaatctcc aagcccttct gtctgtcagg ccttgagact 720
   tgaaaccaga agaagtgtga gaagactggc tagtgtggaa gcatagtga cacactgatt 780
   aggttatggt ttaatgttac aacaactatt ttttaagaaa aacaagtttt agaaatttgg 840
   tttcaagtgt acatgtgtga aaacaatatt gtatactacc atagttagcc atgattttct 900
   aaaaaaaaaa ataatgttt tgggggtgtt ctgttttctc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
40 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaattgcccc caaggggacg gggtacaatt gggggggcg 1018

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 808 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```

cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca120
acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg180
ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg240
ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca300
tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaaggggac360
caggaggacc acctcccaag ggccctgatg actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc420
tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaacaa tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg480
aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac540
tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacgggtgga gaactaaaca attttttaaa600
gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt660
tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa720
taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc780
aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga
808

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```

tttttttttt tttttttttt ttttttgac caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60
gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120

```

```

catggaag tatttttaa aatogaataa tcctattcaa gtcaaccagt gttaaccccg 180
gtgtgcttcc tgccagctctg ttccctcccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240
aaagagaaat tctctgtgccc tctgacttct tcaacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300
gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggtg gtctataaat ggaattggct 360
5 taactatctc ttactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttactttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaagttag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cgggtcttctt 600
tggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
10 aagagggcga tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttgggcgt aatcatctgt ggctgcgtgt ctggtttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagaggga ggaaaaggct gtatctctgc tgctctggtt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
tcttctcctt gcgcttgtgg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
15 ggtcctcgcg ggctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaa1020
ggcctcgggc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcgag tcattcgctt ctttctgaga1080
caatgcatgg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2177 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtcgccg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
45 cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatoga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaattgtcc aggatcttctg aaatcaacta tatgaatcat attattttaa 360
ttttatttct gctattttca gaagtaaat ggaagatatt gcaaatgcag cgtagcagc 420
50 tagtgcagta acacaagtag ccaaggtttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagcctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
agcagaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
55 aaacagtcct tttacaggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggcctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840

```

```

tcaagcattg gtgcacgctg tactggattt ccatttaaac aggggtttt ttggaagaatc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtg tagaccaaaag agaaaaaaca agaagtcctta 960
tgattttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080
5 acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgal1140
caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
10 tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggtgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
cctgggtttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgattt ttggacaatc ttatggagat1680
15 gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
tgacagctca gttcccgaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtgggtgg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
20 acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaagttaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagttaa aatcagagtt atttggtta ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
tacacggata atatcgc
2177

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 402 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

50 ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtcogccag 60
tgggtaatcg ccctggcctt ggctgccctc cttgttggtg acagggaagt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
cagctctgct tggcccggat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
55 tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga
402

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

25  cttctttttgc catcccatth ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
    taggcttttct gggttttaca atgggttgca ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
    taaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
    aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcttg gcagatagta aacatccaat 240
30  cacaagggat ttttctgaa ggggtgaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
    gcctacacat gcccaattaga aactgacaga cactagatgt gcttgggaaga ttaaacacta 360
    cgtacagaaa cagcagttac taagctcttc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
    gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
    aaagttggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
35  ttagagtcag aaacactctc taaagtgc aaactgatgt ccacgatctc aaatagctaa 600
    aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgtga 660
    gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagtgt atcaaaatat 720
    tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
    aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt ttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
40  acggtcatal ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
    gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
    agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttgttgg cttcctcttc 1020
    atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg 1080
    accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa 1140
45  ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgctgatgt tgtggtccta tccgttccag 1200
    ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc accttgaga ttttctctgt catttatgat 1260
    gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg 1320
    cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc
    1349

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

	atttaaatctt	cattctttcta	ctatcccca	tcctaatttc	aatatcaaac	ctaattaaac	60
	acatcaactt	cccactgtac	accaccacat	caatcaaatt	ctccttcatt	attagcctct	120
	tacccttatt	aataatttttc	cacaataata	tagaatatat	aattacaacc	tggcactgag	180
	tcaccataaa	ttcaatagaa	cttaaaataa	gcttcaaaac	tgactttttc	tctatcctgt	240
	ttacatctgt	agcccttttt	gtcacatgat	caattataca	attctcttca	tgatatatac	300
25	actcagaccc	aaacatcaat	cgattcatta	aatatcttac	actattcctg	attaccatgc	360
	ttatcctcac	ctcagccaac	aacatatttc	aacttttcat	tggctgagaa	ggggtgggaa	420
	ttatatcttt	cctactaatt	ggatgatggg	acggacgaac	agacgcaa	actgcagccc	480
	tacaagcaat	cctctataac	cgcatcggag	acatcggatt	catttttagct	atagtttgat	540
	tttccctaaa	cataaactca	tgagaacttc	aacagattat	attctccaac	aacaacgaca	600
30	atctaattcc	acttataggc	ctattaatcg	cagctacagg	aaaatcagca	caatttggcc	660
	tccacccatg	actaccatca	gcaatagaag	gccctacacc	agtttcagca	ctactacact	720
	caagtacaat	agtagttgca	ggaattttcc	tactggtccg	attccacccc	ctcacgacta	780
	ataataactt	tattttaaca	actatacttt	gocctcggagc	cctaaccaca	ttatttacag	840
	ctatttgtgc	tctcacccaa	aacgacatca	aaaaaatcat	tgcccttctc	acatcaagcc	900
35	aactaggcct	gataatagtg	acgctaggaa	taaaccaacc	acacctagca	ttcctacaca	960
	tctgtaccca	cgcattcttc	aaagctatac	tctttatatg	ctctggctca	atcattcatal	1020
	gcctggcgaga	cgaacaagac	atccgaaaaa	taggaaacat	cacaaaaatc	ataccattcal	1080
	catcatcatg	cctagtaatc	ggaagcctcg	ccctcacagg	aataccattc	ctaacagggtl	1140
	tctactcaaa	agacctaatt	attgaagcaa	ttaatacctg	caacaccaac	gcctgagcccc	1200
	tactaattac	actaatcgcc	acttctataa	cagctatgta	cagcatacga	atcatttactl	1260
	tcgtaacaat	aacaaaaccg	cgttttcccc	ccctaattctc	cattaacgaa	aatgacccagl	1320
	acctcataaa	cccaatcaaa	cgccatgcat	tcggaagcat	ctttgcagga	tttgtcatctl	1380
	catataatat	tccaccaacc	agcattccag	tccctacaat	accatgattt	ttaaaaaccal	1440
	cagcccta	tattttcagta	ttaggattcc	taatcgcaact	agaactaaac	aacctaaccal	1500
45	taaaactatc	aataaataaa	gcaaatccat	attcatcctt	ctcaacttta	ctgggggtttt	1560
	tcccattctat	tattcaccgc	attacacca	taaaatctct	caacctaagc	ctaaaaacat	1620
	ccctaactct	cctagacttg	atctgggttag	aaaaaaccat	cccaaaatcc	acctcaactcl	1680
	ttcacacaaa	cataaccact	ttaacaacca	acaaaaaagg	cttaattaaa	ttgtactttal	1740
	tatcattcct	aattaacatc	atcttaatta	ttatcttata	ctcaattaat	ctcgagtaatl	1800
50	ctcgataata	ataaaaatac	ccgcaaaaca	agatcaccca	gctactacca	tcattcaagtl	1860
	agcacaacta	tatattgccg	ctaccccaat	ccctccttcc	aacataactc	caacatcatcl	1920
	aacctcatac	atcaaccaat	ctcccaaacc	atcaagatta	attactccaa	cttcacatal	1980
	ataaattaagc	acaaaatata	aaaaaacctc	tataatcacc	cccaatacta	aaaaacccaa	2040
	aattaatcag	ttagatcccc	aagtctctgg	atattcctca	gtagctatag	cagtcgtata	2100
55	tccaaacaca	accaacatcc	cccctaaata	aattaaaaaa	actattaaac	ctaaaaacga	2160
	tccaccaaac	cctaaaacca	ttaaacaacc	aacaaacca	ctaacaatta	aacctaaacc	2220
	tccataaata	ggtgaaggct	ttaatgctaa	cccaagacaa	ccaacaaaaa	ataatgaact	2280
	taaaacaaaa	atataattat	tcattatttc	tacacagcat	tcaactgcga	ccaatgacat	2340

```

gaaaaatcat cggttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattattttaa aattatttaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaag agtccaaatc attacagggtc2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
5 tttgtcgaga cgtaaattac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
tattttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa cctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
10 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcgccct agcaatcggt cacctcctct tcttccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcatatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccc agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
15 aaccogaatg atatttctta ttgcatagc ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gagggtgtct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttcttctata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
20 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaaa acgatcgggt3540
gacatatagg gc 3552

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 601 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgcttgccac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
50 gaatggcagt cgcagggtta tttcaaagtt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgctggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttgggtcaaag actgagttta gtaggtcaat480
55 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgtctt agtaggggtta600

```

a

601

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
tgatctttggc tcaactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagacccg gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctcttaa tgaccctctt atttttaact 300
tgataacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg gggttgatttc 360
ccccactccc acaaaactctg aagccagtg tctagcttact aaaaaaagag ttgtatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc ctctaatga atgaaactag gggaatttca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
tggttggggc atttttaaga tggctggcta ctctgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
tcataactca gtaacatgaa cttgccccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
aggtctttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
acttgactat atatgttgca tcctgtgcct cccttcatat taatatttga taaagatttt 900
aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
aggataggca agaccctgta tgaatagta caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
tcgattaata atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcctcag gatggcacaal 1080
aacaaggtt aatgcttctt ggggcacatt tcttagagg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattcal 1200
gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaagg ttttatctgt gtagaatggg 1260
tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
gtcaggcttt ctgaacattg agatattcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttt 1440
atgaaaagcc totcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattgccagt tcagttcttt caaatgagg gagaaacatt tgctgcctt 1560
gtaataacaa gactcagtc ttatttttta aactgcattt taaaaattgg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740

```



actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag1800  
 ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat1860  
 tgggtgtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtattttatt tatttattac1920  
 tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgcctgt aggatgtact1980  
 5 gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt2040  
 ttatactgtt ggatacttat aatcaaaaact tttactaggg tattgaataa atctagtctt2100  
 actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 623 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

35 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttgggtggg 60  
 caagtgcggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120  
 gctccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tgttcgggcg ccggaagacg180  
 ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgcatgagc ggagctggac240  
 cgcgagcgac agaaactaga gaccagagg aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300  
 gccaaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcacccgg360  
 40 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggtgtgtgc cctcaagatc420  
 cagacactca agtccaacaa ctgatggca caagccatga aggtgtgtac caaggccatg480  
 ggacccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540  
 cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600  
 ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

45

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 781 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

## hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

15

```

gcggttatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtcga tggggatgaa gaaccagctc180
gcggtcttgc gagtggcttg ttccctgcag aagagcacag aagtgatgaa ggccatgcaa240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg420
gccttgggca aagcaccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga480
gcatgggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc540
25 cggtggcca cactccgcag ctaggggctg cctacccgc tgggtgtgca cacactcctc600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt660
tggagaaggt tctgtttgtc tcttttcatt ctctgccag gttttgggat cgcaaaggga720
ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa780
a

```

781

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct aggggcccgg 60
aagggaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggtagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
5 ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240
tcaatggctg ttaacaccta gcagggaata tgccaccaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttgagc 420
attgtgctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgta 480
10 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag caggagtat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattggtgt gacctttgca gccatggttg gagctgga 660
gctggtacga tcaataccat atgaccagag ccaggccca aagcatcttg cttggttgct 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgg tctcttgaca atattagggg gtctcttct 780
15 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtgggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgccagtg gaaaagtttc tgaacatggg tgcacccctg ggagtggggc tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccttc tgtatgatac 1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc 1080
20 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac 1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgc tcagcttctg gcttctctgc 1200
tacctcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtgttga caagcagctt 1260
tcgttgaagt ttagaagata agaaacatgt catcataatt aaatgttccg gtaatgtgat 1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac 1380
25 acacattttc aattctcatg tttgagtgat tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta 1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttactga 1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgta 1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag 1620
30 tcttttgttt ttttaaatac ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg 1680
gagcccggta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

55

cacccccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggc agtctccacg 60

5 tgggtaccgg cgctcttgc gcccgtagcc acccgcccgc cggaatga catctcgagt120  
 tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaaccaat aagctgcttc180  
 gcctcgagc tgaagcccg actcaagatg gcggctccgg gcgggcgtgg ccagtgacta240  
 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggccggcgac gagcggagtc cagaggacgg300  
 agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360  
 agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caaggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420  
 cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480  
 tggtatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgc540  
 10 aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600  
 gaagggaagga gaagaaaaca taggtggggg ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660  
 ctctatcga cccaatcga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720  
 agcttcagcc ccagataaat ctttgggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780  
 gttcaaaccg gggtttggtg aaccggggga acccattgcg ctttggaat t 831

## 15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 20 (A) LÄNGE: 744 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

40 tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60  
 tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120  
 atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180  
 ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240  
 atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggttaagct acaggcaaca ccacttccgc300  
 45 gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360  
 atcccgggtg tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420  
 aaggaggaa atcagtcctt tatccggatg gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480  
 tggttccgac tggagtccaa caagggaagg actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatc540  
 catgacctcc tgaatatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcctatcac atatcctact600  
 actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660  
 50 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcgagg720  
 gggagagcat caggaagagt agct 744

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

### 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

Name: G1753634      Len: 2017  Check:      8BA
tgccgacccga ggcgcgcgagc aagatggcgg cgcgagtgtc gcgcgcccgc ggagggcgctg 60
ggcgcgcgcgc ctcctgcagc ggcgcgcgcc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
25 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtaact ttggtggggac 360
ttggaacacg tggtagggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
30 ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaacctatg ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggg aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggg 720
35 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattgggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atcagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtgl 1080
ccttgctgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataaac acttagccac 1140
ttctccccac cctccagaag ggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccattttct tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt 1260
45 ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgcatt 1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaal 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatac tgaatacagt ttcacatcat gtattgtgat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta 1620
50 gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
55 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2017

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 856 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

```

25  cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtgcgc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
    tctgtggcag cggcgggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
    cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
    atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
30  agtaccacgc tgggtctaatt caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
    taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgtttgc aatttgttcc cgtataaagg360
    atatatctgg aactatggtg ccacccctca gacttgggaa gacccagggc acaatgataa420
    acatactggc tgttgtggtg acaatgacct aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
    atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
35  aggggaaacc gactggaaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
    taatgatata aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
    gtttagaagg tataagggtc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgcgt ttaatgcaga720
    atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaagc780
40  attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
    gccctcaaaa gtgtgc                                     856
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 540 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

```

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag ggcgaattgt gccctgggtc gccaaagtgt 60
cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcaactctgc tgagaccctc gaccagccg120
aatacaacat atctccggaa acccgcgagg cgcaagcgag cggttggcca taagagccca180
gctgaaacga gagtacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcctcgaaaa240
tcctgccttg cttcggttgg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360
ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
tcgaacattt cacctctcat attaatctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

```

tgtgtgaggg ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtccta 120
tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcata aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
gtaagaggct gcaagggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420

```

```

aagatggact gcggaagg aagacagtgc agagcaacag ccccaaca gcattagccc 480
caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggc tctggtggtt ttgttcttta 540
tcgttgggtg aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaata 600
5 tggattgggt gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaaga 660
aattaatgta tgatgacatc tcacaggtct tgccctttaa ttaccctctc ctgcacacac 720
atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
10 tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctggtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagcccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggcccac1020
tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttggggac1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
ataagtgaga ggctgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgtc1200
15 ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtgaa gtcaaactgt1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt1320
attgtcacaa gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtgc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtgggg1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaaataaca1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat1560
20 gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagga1680
caaatggatc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800
attaatttta tgccataaaa gaccaacca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
gaaaaattat aataaagccc caaattaag aaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

### 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

Name: 794006

Len: 1962 Check: 13A0

```

55 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tttttttttt tatgttaaata 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcaagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaggt aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttggcat ttctggaatg agtgggatta gcaatctaaa 240

```



```

    taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaatth aaagggatta ttaaataaac 300
    atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact cttattaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
    tttatthtatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
    gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgthttt attgtgthtt ctaaccgtaa 480
5   gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
    ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaaca aatctthttc tgggtcaagag aaaaaaaaaa 600
    aaaagaaaca gcactctgca tgcttcaact tacaagatga atthccctag aaagaatcca 660
    atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
    aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctthct gagccttaaa 780
10  ccttcatctc tcaggtgccg atthtcttht gatagcttca tcattthctc ctgaagtctt 840
    ttacactctt ccattagtht ccttgthttc gtatcattaa gtgaaacact gtgtgthttt 900
    ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaacag cthtgctagg thccatatca 960
    thcaatthtat catthtcat gggcattthc aatacgcatc tcaatthtga atccattaat1020
    tcacaggtt thgctcttht ccacacagct tccatatctg aagtgtthtg tggagcaaaa1080
15  attgtctgta ccataaactt gtgtthtact thtthctctg gatcatagtc aaagggctgt1140
    agcattactg aaacagtcac agthtgacct ggggtcaataa thccactgtt gggctcaca1200
    cagtaccggc gaggtgctgt agtcttcaact thgaaacaca cthtthctatc cgatggatth1260
    cgcaatthta gattthtagt gactacatct gtgaaggggc cthtgaatth gaggtctgtg1320
    ggcgatcgca ggaccaggat ctgctctgtc tcgcataggc cctgaggcg gacgccatcg1380
20  gagagacagc gcagacagg gcgcggttg ctgctgggg gcgggggacg atggcgagag1440
    gggagggggga gcgagthtgc atctctctt thctggtta gactctgtt aaccacattc1500
    ttatgtthggc agatctgctt ccagattgat thttagagca ccatcactth cacattctctg1560
    attctgattt thgtthgtt thgtthgggt thctgaaact taaatgctg ccccgaaaat1620
    actatattth thagthttht thctgaaagc ctctgtgctg ctggatctth ggggggaaat1680
    acaggatcct tcagcactga ggtgtthtaag atthgcaact agcaatgcaa thtthtcta1740
    atatggggat atthacctth attaagaaat tatactaaac attgatgtcc thgatcattth1800
    tatgtthtca tattacttht gatttacta thgattgtgt gtggtgaaca aagatcattal860
    caaacaaaaa ctgtaattht gttatattth attcaatgga atthacctaa aaataaaga1920
    ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962
30

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

55

cggtctgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccc 60

```

tggacgtgga atggg g gagatggatt tgattctcgt ggca atg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
5 tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
agaggagggt ccaaaagaga tgacttttga tgagtggaaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaagaa 480
gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
10 ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgttct gctcctgatg tggatgaccc 720
agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
acccttctgt tcaaagcttt tgcatgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaat 900
15 gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
cagtttaaag ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttcccccaat 1140
tacaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
20 atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaat ttatgctgtg tggataacta 1260
actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
gaacaaattc aaaagcacat ttgggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
ttggggtcca aattataa 1458

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

50 Name: 2594262      Len: 2188  Check:      210C
gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
ccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
55 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cctgcaacc 300
ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360

```

```

cacctgggcg tggagatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatggtg 420
gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctggtg 540
atgcaagtgc aggttttcat ggtggctcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttcgtg 600
5 caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840
gaagagatgg aatggataat cagggagggt atggatcagt tggagaatg ggaatgggga 900
10 acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggtggtg 960
gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtg aggtggatgg cgtgggatgt 1020
actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt 1080
cttacagatt taatttcttt tgtattttta gaactttata atgactgaag gaatgtgttt 1140
tcaaaatatt attttgtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat 1200
15 ttggtgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt 1260
tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt 1320
tactattagt tctacaagaa gtagtgtggt gtaattttag aggataatgg ttcacctctg 1380
cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac 1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaataata agcctaaaga tgaagtggct 1500
20 tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaag tcatttatca 1560
ggcatagctc tgaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt 1620
gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctgatttttg gagtaaaacc 1680
ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggttat 1740
cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggt ctcatgtgaca caagaattca gtattaagta 1800
cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgccaata 1860
gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca 1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag 1980
tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa 2040
tatggctttt ttccaaattg gctaattggat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt 2100
30 tattgaactt gttacttggt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat 2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2188

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

35

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

ctcgctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgccgcc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcaccg caacctatgag cagcggagcc gagacccagc agccgccccg 180
5 ggcccccccc gccggccccg ccctcagcgc cgccgacacc aagcccggca ctacgggcag 240
cggcgccagg agcgggtggcc cgggcggcct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
gaagggtcat gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtatgt gtacaccaga ctgccataaa 420
gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
10 tgttgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggg agcaaagtgt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtccctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
gggatcggag agtgctcccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
15 tgtgcaggga gaagtgatgg agggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctccctcgca 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
aggtcagcag ccacctcaac gtcgggtacc cgcgaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
20 ttcgtccgct cccgaggctg agcagggcgg ggctgagtaa atgccggctt accatctcta1140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgtctttt gcccgttgac cagataaata1260
gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc1320
25 tttttggtaa taacaaacgt gtttttttaa aaagcctggg ttttctcaat acgcctttaa1380
aggtttttaa attgtttcat atctggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaat1440
ttgtaataaa agttttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaagggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgccctgc 60
tgccgggggt ggtgattgga ggaaaccccg tgtotgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
55 gcgagatcca gggacagagt ctacgcctcg ccgctgctgc cgccgcgcc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcatgga 240

```

taaaaatgag ctgggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300  
 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360  
 tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420  
 ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtgc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480  
 5 cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttgga 540  
 aaagttcttg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600  
 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggttg 660  
 tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720  
 caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780  
 10 tgaactcccg cagagaaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840  
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900  
 agagacaact tgacatttg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960  
 ggaggggaaa attaacggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt 1020  
 agaccatttg tcatccatgc tgtccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt 1080  
 15 ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatggt tagttttggg 1140  
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gaggggtggg 1200  
 ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254

## 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 577 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

ctcggtgccg ggtcgctttt ggagcagaga ggaggcaatg gccaccatgg agaacaaggt 60  
 45 gatctgcgcc ctggtcctgg tgtccatgct ggccctcggc accctggccg aggccagac 120  
 agagacgtgt acagtggccc cccgtgaaag acagaattgt ggttttcctg gtgtcacgcc 180  
 ctcccagtggt gcaataaagg gctgctgttt cgacgacacc gttcgtgggg tcccctgggt 240  
 cttctatcct aataccatcg acgtccctcc agaagaggag tgtgaatttt agacacttct 300  
 gcaggggatct gcctgcatcc tgacgcgggtg ccgtccccag cacggtgatt agtcccagag 360  
 50 ctcggtgcc acctccaccg gacacctcag acacgcttct gcagctgtgc ctcggtcac 420  
 aacacagatt gactgctctg actttgacta ctcaaaattg gcctaaaaat taaaagagat 480  
 cgatattaaa aaaaaaagaa aggaaaaaaa acctcggagg gggggggggc ccggttagcc 540  
 caatttgggc cctatgaggg ggggcggagt tacaagg 577

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 263 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61:

```

gcgagtggga gcaccaggat ctggggctcg gaacgagact gcacgggttg ttttaagaaa 60
atggcagaca aaccagacat gggggaaatc gccagcttcg ataaggcgaa gctgaagaaa120
acggagacgg agggggggaa caccctgccg accaaagaga ccattgagca ggagaagcgg180
gtgaaatttc ctaagagccg ggggggtttc gtgccggggg tccttttggg gggcccgagt240
ggttggtgtg agaaaggccc cct
                                         263

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 425 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62:

5 gaaagaaatg aaagacagag acagcttttg ctatgggaga gggaggaggc cgggggaagg 60  
 aggagacagg aggaggaggg accacggggt ggaggggaga tagaccagc ccagagctct120  
 gagtggtttc ctgttgcttg tctctaaacc cctccacatt cccgcggtcc ttcagactgc180  
 ccggagagcg cgctctgcct gcggcctgcc tgcctgccac tgagggttcc cagcaccatg240  
 agggcctgga tcttctttct cctttgcctg ggaggaggg ccttggcagc ccctcagcaa300  
 gaagccctgc ctgatgagac agagggtggtg gaagaaatgt gggagagggt actgaggtat360  
 10 gtgtgggagt aaccctgcc aggtggaagg ggggagtttg aaagtggggg aaggaaccgc420  
 aaggg 425

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 954 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

40 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttctttttt ttttttgtga gagcagggtc 60  
 actttatttg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120  
 tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttcttg180  
 gcacagccat agcccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcc240  
 ccagaatcac cctggcagga atccttgcc cctcagagga agccacaca gaacatgttg300  
 ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360  
 aggcactgca gctcgtcttg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420  
 atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480  
 45 gaattgatga cggcagggtg ggagagcttg atcagcagga tgctattgtc cagagtccgg540  
 ctgttgatg tgggtggcgg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccctcc600  
 aggacttoga tgttgtgtct tcccagctct acctggatgc gggacttgta gcagtgcct660  
 gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720  
 aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca780  
 50 tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840  
 atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccctt ctttatacct cccgaggatg900  
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgtctctc ccagcacaaa caca 954

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

55

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 647 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64:

```

ctctcctgcc cgaggtccat catcctggag taccaccagg agcgcgtggt gctgaccgc 60
aagccagtcc acggggtgat gacgaacgag atcatcttca acaacaagg ggtcagcccc120
ggcttcogga aaaacggcat cgtggtctcg cgcacggcg tcaagatgta cgcgaccatc180
ccggagctgg gagtccagg catgttctcc ggcccatct tctccgtgga ggtgcccttc240
agcaagtttg ccaacaacac cgagggccag tgcggcactt gcaccaacga caggaaggat300
gagtgcgcga cgcctagggg gacggtggtc gcttctgtct ccgagatgtc cggcctctgg360
aacgtgagca tccctgacca gccagcctgc gaccggcctc acccgaggcc caccacggtc420
30 gggcccacca cagttgggtc taccaccgtc gggcccacca cagcgcctgc tgcgtgcctg480
ccatcaccca tctgccacct gattctgagc aaggtgtttg agccgtgcca cagtgtgatc540
ccccactgc tgttctatga gggctgctg tttgaccggg gccagatgac ggacctggat600
gtggtgtgct ccaggctgga gctgtacggg gcagtgtgtg cgtccca 647

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:



(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

5  
ggcggaccgc cggggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tectggcgcg gccgtcccg 60  
cccggggccc caggtgctgc tcccctagag agggattttc cggctctcgt ggcagaggaa 120  
caaccaggaa cttgggggtc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180  
acccgctgtc tggccctgag tagggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gacgcagacc 240  
10 ggcctcgaag aacttctgct tgggtggtcg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300  
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360  
agaccctgag gaaggccatg aaagggtcgc gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420  
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480  
gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540  
15 tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600  
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660  
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720  
gctctgacac atcggttcag ttccagcgag tgtggtgtgc tctgtcagct ggtgggaggg 780  
atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840  
20 ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccgga 900  
accgaaatca cctgttgcac gtgtttgatg aatacaaaaag gatattcacag aaggatattg 960  
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020  
agtgcattgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggtc1080  
tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatgggttc tcgagcagaa attgacatgt1140  
25 tggatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcattcaagg1200  
gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260  
ataaaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320  
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380  
cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcac tatgatgctt1440  
30 taaagctgta cttgcatctt aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500  
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560  
tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620  
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatttgaaa1680  
ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccc tccagttttc tataatttcac agtcaaagcc1740  
35 ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800  
taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860  
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920  
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980  
tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaat aagcttcaaa ctaggatttc tgggaatgat2040  
40 gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100  
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgcactg tgcccttcaa ctccagaaac2160  
attctgaaga tgtacttgga tttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1728 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66:

```

10  acctatggct tactgaatgg tgattacttt ctttgggctc ggaactactt gcccttagga 60
    tataaaaaatg atgacatcca ttatagagtg ctcacagaag gaaatgaagt aatataggtg 120
    tgagatccag accaaaagtc atttaacaag tttattcagt gatgaaaaca tgggacaaat 180
    ggactaatat aaggcagtg actaagctga gtagagagat aaagtcctgt ccagaagata 240
15  catgcttcct ggcctgattg aggagatgga aaatttttgc aaaaaacaag gtgttggtgt 300
    cttccatcca gtttcttaag tgctgatgat aaaagtgaat tagaccacc ttgacctggc 360
    ctacagaagt aaaggagtaa aaataaatgc ctcaggcgtg ctttttgatt catttgataa 420
    acaaagcatc ttttatgtgg aatataccat tctgggtcct gaggataaga gagatgaggg 480
    cattagatca ctgacagctg aagatagaag aacatctttg gtttgattgt ttaaataata 540
    tttcaatgcc tattctctgc aaggctactat gtttcgtaaa ttaaataagg ctggcccca 600
    agaccactc aattgccttt gagattaaaa aaaaaaaaaa aaagaaagaa aaatgcaagt 660
    ttctttcaaa ataaagagac atttttccta gtttcaggaa tcccccaaat cacttcctca 720
    ttggcttagt ttaaagccag gagactgata aaagggtcga gggtttggtc ttaattcat 780
    taactaaaca ttctgctttt attacagtta aatggttcaa gatgtaacaa ctagttttaa 840
25  aggtatttgc tcattggtct ggcttagaga caggaagaca tatgagcaat aaaaaaaga 900
    ttcttttgca tttaccaatt tagtaaaaaat ttattaaaac tgaataaagt gctgttctta 960
    agtgcttgaa agacgtaaac caaagtgcac tttatctcat ttatcttatg gtggaaacac 1020
    aggaacaaat tctctaagag actgtgtttc tttagttgag aagaaacttc attgagtagc 1080
    tgtgatatgt tcgatactaa ggaaaaacta aacagatcac ctttgacatg cgttgtagag 1140
30  tgggaataag agagggtctt ttattttttc gttcatacga gtattgatga agatgatact 1200
    aaatgctaaa tgaaatatat ctgctccaaa aggcatttat tctgacttgg agatgcaaca 1260
    aaaacacaaa aatggaatga agtgatactc ttcacaaaac agaagtgact gttatctcaa 1320
    ccattttgtt aaatcctaaa cagaaaacaa aaaaaatcat gacgaaaaga cacttgctta 1380
    ttaattggct tggaaagtag aatataggag aaaggttact gtttattttt tttcatgtat 1440
35  tcattcattc tacaaatata ttcggtgcc aataggtact tgggtataagg tttttggccc 1500
    cagagacatg ggaaaaaaat gcatgccttc ccagagaatg cctaatactt tccttttggc 1560
    ttgttttctt gttaggggca tggcttagtc cctaaataac attgtgtggt ttaattccta 1620
    ctccgtatct cttctaccca cttctgggcc actacggtta ggcagggtta ggctgggggt 1680
    tttgttagtt gagcgttgct cccttgaagt taccagggac cttgcctt 1728
  
```

(xii) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```

10 cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
   tccatgggtg aacaaacaga tcacaaggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
   taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
   tcttcaccta gcgcagtcaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgetat 240
   gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
   tctgttccac accattgaaa cctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
15 agaaggattg ccccagctga tggaaagtag gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
   tgctcatgga ggcccaact ttatgatgca ttctgggac tctcaagcct cagagtatga 480
   tgaccctcca ggcctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540
   ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caagccttc tctgcatttg ttggacagat 600
   gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
20 tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
   caatcccacc atgatccgag ccaagtgtca tcacaacctg gatgccttg ttcgactcat 780
   tgcactgctc gtgaaacact caggggaggg caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
   gaacaaggctc cttggatatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
   tgaatttcag caacttcctt accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
25 acctgagcat gtgttgaaa ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020
   ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg ctttgtatat gcttggcttg aactgatttc1080
   ccatcgata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
   gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga1200
   actcaccaaa cctatgcaaa tctctacaaa gggcacttta agagtgtctg tggttctttt1260
30 gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc1320
   taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380
   cgaccctacc actcctaate taaagggtga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440
   gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
   tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
35 aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactggtgct ctatgtcggg1620
   actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
   cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttggacac tgagggtcgc1740
   tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800
   ttcagttgca ccattgctgta cctttttgca gagggcaata cggaagccat ccaagaacag1860
40 atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctctctt1920
   attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttcta1980
   cactgtgccc cagaaatcga aaagttattc cagtgcgtcg cacagtgtg catgggacag2040
   aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
   tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
45 tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgccccca actactgttg2220
   ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
   tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
   ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
   aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagtct2460
50 catgtcttct gacattcctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
   taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagttat taaaaatgtg2580
   gatgtgctag aattggatat gtocaggaac atgggaaggg ctcactattg gaatcccattg2640
   agtttccatt ttgtctctac ccaaagctg tccaaagctg actgcatttg taccattcta2700
   tttcttttgg ggattataca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
55 ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
   gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggaac ccaaaccggc attaatgg 2878

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 701 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

25  atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaacttta aaaagtaatg ggatcttttg 60
    acactggggt atgttttatt tttatgtgtg caaattttaa ccatattctt ttctagttaa120
    agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaaagaca ggtgagactt180
    cgagagccct gtcattcttc aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
    ttgggaaaaat gaggtacgtt agtggttcgcg attttaaagg caaagtgcta attgatatta300
    gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaagggt atttcttta360
30  atccagaaca atggagccag ctgaaggaaac agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
    aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
    tttttacatt ggcttttggt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
    aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
    taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgcccacc acctagtgtg aaataaaatc660
35  aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c                                701

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 817 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

```

gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120
10 gaaccggtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tgggtcaggal80
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300
atggaaatca aattagggttc attacatcag gaagtacatt tcacctgat cataaaagag360
ggacaaggga gcaactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttataaa420
15 gttaaacatt ggcaggggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaag cttttgttat ctttggtatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
tggagtacga gccggtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aaggtcggag aaccaagtcc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
20 ttgatgaagg ttcccgcctg ctgtcccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
gcatttcctg atttctctct tggtataaaa agctttc 817

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2686 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

Name: 2678229      Len: 2686  Check: 1F21
gcaaggccta ctgtcgggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
50 cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaattg 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatatcca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caagggttga tggagtactg ctctgtgatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420

```

attaccttcc aaatgat ggagaatttt atcagttctg ttaccacc cataaggggtg 480  
 aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540  
 ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggg gaccacaaaa gcaggccttc 600  
 5 ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660  
 ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720  
 accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggctct actgaagtaa 780  
 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840  
 aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900  
 10 ccgaattaga cagtttaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960  
 aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtacat ttgaagaata1020  
 cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat tttagtggga1080  
 acaaagaaag cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg1140  
 ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt1200  
 gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag1260  
 15 ttgtctttct ggctaaagaa ctcagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag1320  
 acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg1380  
 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgatata ctggaacacg1440  
 aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata1500  
 aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat1560  
 20 cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgat1620  
 cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt1680  
 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaag1740  
 aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaca actcttgca gatgagaaag1800  
 caaaatgcaa taaatatgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag1860  
 tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaa tagctgaagt acaggacaat tataaagaac1920  
 ttaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatgggtgctt1980  
 ttaccacaga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca2040  
 atgttgtctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg2100  
 30 aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tctccaagt caacatttac2160  
 gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc2220  
 tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa2280  
 gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagcg agcagttccc tcttgactat gaccagcagg2340  
 tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac2400  
 tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa2460  
 35 tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga2520  
 ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtcttttg cttatcaata2580  
 aattttaatc tctgttaatc ttaccaaatt ttaaaaaaaa aaaaaaaaat cgtactttat2640  
 ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 827 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71:

```

tagtcgcggg cgcactggtg tttatccgtc actcgcgcgag gttccttggg tcatggtgcc 60
agcctgactg agaagaggac ggtcccgga gacgaatgag gaaccacctc ctccctactgt120
tcaagtacag gggcctgggtc cgcaaaggga agaaaagcaa aagacgaaaa tggctaaatt180
10 cgtgatccgc ccagccactg ccgcgcgactg cagtgcacata ctacggctga tcaaggagct240
ggctaaatat gaatacatgg aagaacaagg aatcttaact gaaaaagatc tgctagaaga300
tggtttttga gagcaccctt tttaccactg cctgggttga gaagtgccga aagagcactg360
gactccggaa ggacacagca ttgttggttt tgccatgtac tattttacct atgaccctg420
gattggcaag ttattgtatc ttgaggactt cttcgtgatg agtgattata gaggtacgat480
15 tgagttcgga gcagagggtc tgaagagagt tcagagttat aaatgcttac aatgactttt540
taaattgtac tctttctttt taggcttttg cataggatca gaaattctga agaattctaa600
ccaggtatgt cttagttttt ggtttccaaa tttgtaagtt tactggatta ttttaatat660
ggaataaaaa ttgggtcttg agagcaggct gaaatgtcac tgagtgtgtg ttttactctc720
tcataatagg ttgcaatgag gtgtcgctgc agcagcatgc actgctgggt accagaatgg780
20 aatgaaccat ccacagctt cgagaaaaga ggaggggctt ctgatct 827

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25 (A) LÄNGE: 922 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

45

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcateccgc tccctgctcg cggcagccgc 60
ctccgcgcgc cgctctctcc gccgcgcgcg actccggcag ctttatcgcc agagtcctgt120
aactctcgct ttctttttta tccctgcac cggatcaccc gcgtgcccc ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaagt240
50 tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc cctgtctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggtgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatgggt360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcaccctcc540
55 acttcccgctc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccc cccgcccacc600

```

gtgggcagtg ccacccag atgacacgag ctctccacca cccaa aa accatgagaa660  
 tttgcaacag gggaggga aa aaggaccaa acttccaagg cctgctttt tttcttaaaa720  
 gtacttttaa aaggaaattt gtttgtatgt tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780  
 tgtaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcggtc840  
 5 tctggcctac ttctggactt ttacgttggg ggggtgtga ccatgttcaa ttataatccc900  
 aaaaggggga aaaaaaacct tt 922

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

35

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcgggtccgg acggcagcgc 60  
 gtgccccgag ctctccgcct cccccgcgcc gccagccgag gcagctcgag cccagtcgcg120  
 ggccccagca gcagcgcgca gacgagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180  
 tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240  
 gactcgccct ccgtctgggc cgcggtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct300  
 gaggtgggtg tcctggttgg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360  
 gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgctg aggatgggga atttagcatg420  
 gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggc ccacacttca atgtcactgt caccaagact480  
 40 gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540  
 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600  
 ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaacatt660  
 ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgtgtgc aaaaccacat gggctggggg720  
 ccagggtcgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tggttggaag780  
 45 acttttggtt tttgggggtt tttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaaa840  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaggggggg 870

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttctcttg tggccagttg gggaccagca tcatgaagt gatgggtggtg gtcttgggtc 120
gcctccagct cttggaggca gcagtggta aagtgccct gaagaaattt aagtctatcc 180
gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacct cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttgggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggctcctt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacct ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggtctctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tggccttgag tgagaatgag cctggtagca 600
acttctgcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcattg tgcaggagg cgccctcacc agccccgtct 720
tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggt ccagcgggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcaccag gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgctcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctctgaact 1020
gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcatcat caatggtgtg gaggttccctc 1080
tgccaccttc ctcttatatc ctacagtaaca acggtactg caccgtggga gtcagcccc 1140
cctacctgct ctcccagaac ggccagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt 1200
cctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgctgct cgacacgtgg gctccccct tctcttgac cctgcacct cctagggcat 1320
tgtatctgtc ttccactct ggattcagcc ttctttttct ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3041 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75:

```

ccgtacacca aaaacctcca atccctatcc ccgacgaccg gatcctgagg aggcagctgc 60
ggtggcactg tgctgttctc ggtgaaggta tttcatttct cctgacccct ccactcccc 120
ccccaccccc atctattaat attattcttt tgaagattct tcgttgtaa gccgcaaag 180
tgagagagtgc gattgcagaa ggggtgtctt ctggtttcag tgcttcttcg gccggaggag 240
gaagtggggg tgcacctcag cactatccca agactgctgg caacagcgag ttcttgggga 300
aaacccagg gcaaacgctc cagaaatgga ttctgcaag aagcactaga cgagatgaca 360
actccgcagc aaacaactcc gcaaacgaaa aagaacgaca tgatgcaatc ttcaggaaag 420
taagaggcat actaaataag cttactcctg aaaagtgtga caagctatgc cttgagctcc 480
tcaatgtggg tgtagagtct aaactcatcc ttaaaggggt catactgctg attgtggaca 540
aagccctaga agagccaaag tatagctcac tgtatgctca gctatgtctg cgattggcag 600
aagatgcacc aaactttgat ggcccagcag cagaggggtca accaggacag aagcaaagca 660
ccacattcag acgctccta atttccaaat tacaagatga atttgaaaac cgaactagaa 720
atgttgatgt ctatgataag cgtgaaaatc cctcctccc cgaggaggag gaacagagag 780
ccattgctaa gatcaagatg ttgggaaaca tcaaattcat tggagagctt ggcaagcttg 840
atcttattca cgaatctatc cttcataagt gcatcaaaac acttttggaa aagaagaaga 900
gagttcaact caaagatatt ggagaggatt tggagtgcct ctgtcagata atgaggacag 960
tgggacctag attagacctg gaacgagcca agtccttaat ggatcagtag tttgcccgaal020
tgtgtctcct gatgttaagt aaggaattgc cagcaaggat tcgtttcttg ctgcaggatal080
ccgtagagtt gcgagaacac cattgggttc ctgcgaagga ttttcttgac aatggaccaal140
agacgatcaa tcaaattcgt caagatgcag taaaagatct aggggtgttt attcctgctcl200
ctatggctca agggatgaga agtgacttct ttctggaggg accgttcatg ccaccagggal260
tgaaaatgga tagggaccca cttggaggac ttgctgatat gtttgacaaa atgccaggta1320
gcggaattgg tactggtcca ggagttatcc aggatagatt ttcacccacc atgggacgtcl380
atcgttcaaa tcaactcttc aatggccatg ggggacacat catgctctcc acacaatcgcl440
agtttggaga gatgggaggc aagtttatga aaagccagat tagcctgagg cctgctcagtl500
cgttcctaag gaataaaaat caagtgcgca agcttcagcc ccagataact atgattcctcl560
ctagtgcaca accaccacgc actcaaacac cactctggg acagacacct cagcttggcl620
tcaaaactaa tccaccactt atccaggaaa agcctgccaa gaccagcaaa aagccaccac1680
cgtcaaagga agaactcctt aaactaactg aaactgttgt gactgaatat ctaaatagtg1740
gaaatgcaaa tgaggctgtc aatgggtgaa gagaaatgag ggctcctaaa cactttcttcl800
ctgagatggt aagcaaagta atcatcctgt cactagatag aagcgatgaa gataaagaaa1860
aagcaagttc tttgatcagt ttactcaaac aggaagggat agccacaagt gacaacttcal920
tgagggttt cctgaatgta ttggaccagt gtcccaact ggaggttgac atccctttgg1980
tgaaatccta tttagcacag tttgcagctc gtgccatcat ttcagagctg gtgagcattt2040
cagaactagc tcaaccacta gaaagtggca cccattttcc tctcttcta ctttgtcttc2100
agcagttagc taaattacaa gatcgagaat ggtaacaga actttttcaa caaagcagga2160
agcgaagggt ccaatatgca gaaaatgctc ccagaaattg atcagaataa ggaccgcatg2220
ttggagattt tggaaggaaa gggactgagt ttcttattcc cactcctcaa attgagagaag2280
gaactgttga agcaaataaa gttggatcca tcccctcaaa ccatatataa atggattaaa2340
gataacatct ctcccaaact tcatgtagat aaaggatttg tgaacatctt aatgactagc2400
ttcttacagt acatttctag tgaagtaaac cccccagcg atgaaacaga ttcactcctct2460
gtccttcca aagaacagtt agagcaggaa aaacaactac tactatcttt caagccagta2520
atgcagaaat ttcttcatga tcacgttgat ctacaagtca gtgccctgta tgctctocag2580
gtgactgct ataacagcaa cttcccaaaa ggcattgtac ttcgcttttt tgtgcacttc2640
tatgacattg aaattattga agaagaagct ttcttggtt ggaaagaaga tataacccaa2700
gagtttccgg gaaaaggcaa ggctttgttc cagtgtaac agtggctaac ctggttagaa2760
actgctgaag aagaagaatc agaggaagaa gctgactaaa gaaccagcca aagccttaaa2820
ttgtgcaaaa catactgttg ctatgatgta actgcatttg acctaaccac tgcgaaaatt2880

```

cattccgctg taatgttttc acaatattta aagcagaagc acgtcagtta ggatttcctt2940  
 ctgcataagg tttttttgta gtgtaatgtc ttaatcatag tctaccatca aatatttttag3000  
 gagtatcttt aaaagttagg cggtaggttt ttttggccgg c 3041

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

30 gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgccctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60  
 agcagcattt aaattctggg agggccttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120  
 gcatcgctcg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180  
 aaggaaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcatcacct 240  
 gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300  
 35 aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360  
 tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaaca gagacccttc 420  
 caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480  
 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540  
 atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600  
 40 attttcccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttcaactc agttgtcccc acagtagaca 660  
 catatgatgg ccgaggtgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720  
 gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780  
 gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840  
 ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900  
 45 ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960  
 atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020  
 gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggaagaag1080  
 ataaacacct gaaatttctg atttctcatg aattagatag tgcactctct gaggtcaatt1140  
 aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaa atgctttata1200  
 50 gcaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta1260  
 tttgctgtg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcattggaaa1320  
 ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa1380  
 actatcactg tattttaata tttgttatcc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaa1440  
 acaaaatact tttaccact taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataactcttt1500  
 55 gttttttaag ttagtgtata tttgtgtgtg attatctttt tgtggtgtga ataaatcttt1560  
 tatcttgaat gtaataagaa tttggtggtg tcaattgctt atttgttttc ccacggttgt1620

ccagcaatta ataaata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaga gaaaagaaaa1680  
 aaaagaaaag aaaaaaagg gagggagggg ag 1712

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77:

ctcgagccgc	aacagtctaa	ttgtaggata	tgtaatagga	atcaacaagc	taccccaggg	60
cccgcataca	gtggctgaga	gacaatatac	cccaatgcat	ccctgctgat	ccagaacgtc	120
accagaaatg	acacaggatt	ctatacccta	caagtcataa	agtcagatct	tgtgaatgaa	180
gaagcaaccg	gacagttcca	tgtatacccg	gagctgcccc	agccctccat	ctccagcaac	240
aactccaacc	ccgtggagga	caaggatgct	gtggccttca	cctgtgaacc	tgaggttcag	300
aacacaacct	acctgtggtg	ggtaaattgt	cagagcctcc	cggtcagtcc	caggctgcag	360
ctgtccaatg	gcaacatgac	cctcactcta	ctcagcgtea	aaaggaacga	tgcaggatcc	420
tatgaatgtg	aaatacagaa	cccagcgagt	gccaaaccga	gtgacccagt	caccctgaat	480
gtcctctatg	gcccagatgg	ccccaccatt	tccccctcaa	aggccaatta	ccgtccaggg	540
gaaaatctga	acctctcctg	ccacgcagcc	tctaaccac	ctgcacagta	ctcttggttt	600
atcaatggga	cgttccagca	atccacacaa	gagctcttta	tccccaacat	cactgtgaat	660
aatagcggat	cctatatgtg	ccaagcccat	aactcagcca	ctggcctcaa	taggaccaca	720
gtcacgatga	tcacagtctc	tggaagtgtc	cctgtcctct	cagctgtggc	caaccgtcggc	780
atcacgattg	gagtgtctgg	caggggtggc	ctgatatagc	agccctgggtg	tatttttcgat	840
atttcaggaa	gactggcaga	ttggaccaga	ccctgaattc	ttctagctcc	tccaatccca	900
ttttatccca	tggaaaccact	aaaaacaagg	tctgtctctg	tcctgaagcc	ctatatgtctg	960
gagatggaca	actcaatgaa	aattttaagg	gaaaaccctc	aggcctgagg	tgtgtgccac	1020
tcagagactt	cacctaacta	gagacagtca	aactgcaaac	catggtgaga	aattgacgac	1080
ttcacactat	ggacagcttt	tcccaagatg	tcaaaacaag	actcctcatc	atgataaggc	1140
tcttaccccc	ttttaatttg	tccttgctta	tgcctgcctc	tttcgcttgg	caggatgatg	1200
ctgtcattag	tatttcacaa	gaagtagctt	cagagggtaa	cttaacagag	tatcagatct	1260
atcttgtcaa	tcccaacggt	ttacataaaa	taagagatcc	tttagtgcac	ccagtgcactg	1320
acattagcag	catctttaac	acagccgtgt	gttcaaatgt	acagtgggtcc	ttttcagagt	1380
tggacttcta	gactcacctg	ttctcactcc	ctgttttaat	tcaaccacgc	catgcaatgc	1440
caaataatag	aattgctccc	taccagctga	acagggagga	gtctgtgcag	tttctgacac	1500
ttgttgttga	acatggctaa	atacaatggg	tatcgctgag	actaagttgt	agaaattaac	1560
aaatgtgctg	cttggttaaa	atggctacac	tcatctgact	cattctttat	tctatttttag	1620
ttggtttgta	tcttgccctaa	ggtgcgtagt	ccaactcttg	gtattaccct	cctaataagt	1680
atactagtag	tcatactccc	tggtgtagtgt	tattctctaa	aagctttaaa	tgtctgcatg	1740

```

cagccagcca tcaaatagtg aatgggtctct ctttggtctgg aattacaaaa ctcagagaaa1800
tgtgtcatca ggagaacatc ataaccatg aaggataaaa gcccacaaatg gtggtaactg1860
ataatagcac taatgcttta agatttggtc acactctcac ctagggtgagc gcattgagcc1920
agtgggtgcta aatgctacat actccaactg aaatgttaag gaagaagata gatccaatta1980
5 aaaaaaatta aaaccaattt aaaaaaaaaa agaacacagg agattccagt ctacttgagt2040
tagcataata cagaagtccc ctctacttta actttttaca aaaagtaacc tgaactaatc2100
tgatgttaac caatgtattt atttctgtgg ttctgtttcc ttgttccaat ttgacaaaac2160
ccactgttct tgtattgtat tgcccagggg gagctatcac tgtacttgta gagtgggtgct2220
gctttaattc ataaatcaca aataaaagcc aattagctct ataactaaaa aaa 2273

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

35 accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcgggga ggggtggcag cggcaaggca 60
gccagtttc gcgaaggctg tcggcgcgcc gcgcccgca ggcacccggc acgcgccttc 120
cccgaggca cccggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggtcagct 180
ccgcccgaagg gccgccaagg aagagcccaa gaggagatcg gcgcggttgt cagctaaacc 240
tcttgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
aaagtgcaaa caaaagggaa aaggggagca aagggaaaaa aggcogaagt ggctaaccaa 360
gaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gagtccagcc 420
tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
cagtgggtccc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaat atttttatca actattttgt 540
aaatgcaagt ttttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat cccacctcat 600
45 cccatttttt aagtgtaaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttggttat 660
tttttggtac aaccagaaaa tagtggtgga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720
gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tataatcctat aatacaaagc 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttgttttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
50 ggctctctct gccagaattg tgtgcactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttccct 960
aataacttga ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt1020
tgagttgttg actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt1140
taaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttggt1200
55 acaaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa1260
aaaaaaaaaa aaa 1273

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

30

35

40

45

50

55

```

cctcggacca cccgactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggtgg ggactgcacg tagcccgcg ctccggcatgg 120
ctctcctggg gctcgggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
cctctagtga tgatgtgatc gaattaaact catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggtg tggtcactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggagggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
ccattgtaga tgctgcctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctccggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaatgttct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgctcct tgggtgtggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
tatttcagaa aggcgagttc cctgtggatt atgacgggtg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg tttcttgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc1020
tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga1080
agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc1140
agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgccal200
tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagtga caaggcatca1260
acgagtttct caggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcgggg1320
ctttccctac catcgttgag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccggtg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagtgtgtga1440
agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat ttttcagca1500
gtgaagggac attctctaca ctcagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattgtt gtagccggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgg1740
ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaattggct1800

```

```

      ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
      acatcataaa ttcagagtga tgtttagcag taaatcaata ttttgaagtg atacacagat1920
      gtctttcctc cccacaaact tttttaaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggtg1980
      ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
5      tcctgcccaa tatttgtctt tgggctgtct ctagtacta attattaagg aatctagctg2100
      gttatacagt tcaaggcttt ctatgttggt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
      aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagtctgc atttatgtaa aacattcaga2220
      aaatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
      aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
10     aa

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

```

35      gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
      tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
      gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaaacttcg 180
      tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
40     aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
      agagaaagag aaagagtttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
      ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420
      gaagaggcga cacagtagat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagttaa 480
      atccccatca ccaaaatcgg agcagtcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
45     acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatggt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
      accatctggt tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cgggtctagat ctcttaaaaa 660
      atcaggaaaag aagtccagat ccaggtccag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
      gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaaa atgtgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
      tttgtgcttg aacggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
50     gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
      tgtcattggt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
      ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
      ttttgtttta ggatgtttgt acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgta1080
      gctttgacaa tttgaattag atttcaata aaatctgaac agaaaactat aatgtttgtt1140
55     ttttgcccca ccggtgatat taagtccctt aaagtcctac tgagttttcac actactgttg1200
      tgcttcttat acctgatgca ctttataagc cccagtgttc aagtagctta agttttatat1260

```

```

ttactaagat gactat[REDACTED]a attaagggac ctgagactcc tattt[REDACTED]g tttgctaacc1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggta1380
gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca1440
atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
5 aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaat[REDACTED]t1560
aacaaggttt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
ttgggtcccc cccccactcc caagagactt gggttttagt atagctttaa gtaaaattta1740
aaaataaaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaat[REDACTED]ca aggtgcaaaa1800
10 agttgattta aaccatttgc agagtgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagggt1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

40

45

50

55

```

gcccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
taaaccogat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aatttttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaat[REDACTED]taaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480
acatatctcg ataatcataa cagtcacatg atttctgatg ctatctgggc tg[REDACTED]taataat 540
aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tcg[REDACTED]tgaac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcaactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagtcctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
tttctgtttt catgatcgga atactcaaat atatccaaac atcttttttaa aactttgatt 840
tatagctcct agaaagttat gtttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcaattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
ctcaatttga atgatttaca aaatagaaca ctttaacca ggtcagtcct atctttttgt1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac1080
acttaaaacg aatctcaaga ggggtgacct tgttgtttca gataccatcc ctaaggagag1140

```



5 tgggttaacag gaagattgcc agtgttactg atggaaagaa gtgtttgttt gttttttttt1200  
 cttgtcaaag acttacacca tagtttttaa ttaaactgtc aggcattttc tcagacaggt1260  
 tttccttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaat catgactttt gactgccact1320  
 caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc1380  
 tgagtccttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt1440  
 ccctcaaaga tgaaattgac aaatttaatg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc1500  
 aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat1560  
 gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat1620  
 ataatatgga accttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtacgggtc ttctgtgtct1680  
 10 agctcaatag cttgtctgctt tttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt1740  
 tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttttagca1800  
 agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttcc1860  
 tgatcttgat cgccccctga tgcactttca tctcttctct cttcatcatc ttctttttcc1920  
 ttctctttct cttctctttt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata1980  
 15 tttggagggtt cttctggggg aagctctaca ggtgggtattt cccatctgct ctgggtcaat2040  
 ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tgggtgggtga ggcatagctg actcatctat2100  
 gtttgttctg ctggcctcca tcaactgactc ctggaggcgg cttggctctt caataatggg2160  
 ctcactcgata acatcacgct gctgatgctg ctggtgctgg tctctctag gaacctctgg2220  
 attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctctctctt tctctctt2280  
 20 tctaaggctt tctgtgacaa gcggtgtaag acagctgtga aagagcttca gtactctgtt2340  
 attccacaaa ggctgacag gtaagtaaaa cagcttttct actcctcctg tctctttcca2400  
 catcatcaat ttcttggtgg cgggtgccaga tccaaagtag taacaatatc tgaataatca2460  
 ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc2520  
 ctcttctctt tggcttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaagtct2580  
 tcttctctcat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcattg ttggcattgg ttcaacggga2640  
 tccactgaat caggactatc agggccaccc attgatacat tatcatcctc atccatatcg2700  
 tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca2760  
 aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc2820  
 tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc2880  
 30 agattgctgg tgctctgttc agactctaag aggaggttag aagtagtagt gcttactaac2940  
 atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatctatc cacgatcatc cattccaaaa3000  
 tcaccaaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttata3060  
 tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgctgggcca catcgatgtc atctaagtca3120  
 ggcagtggct gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaaag taatggcatt ataagctgct3180  
 35 tcccgatttt cctcaggcag gtcaaccaca cctgcccga aagccatctt tatcttaatg3240  
 aatgcttcat tacagtctgc aagaaggat ttggctttcc tgtgatagat tcgaactact3300  
 cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cttttggtga gatgatactc3360  
 ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca3420  
 atgggccgct agccaaattc ttgccagagg ccctctttta ctgagaacaa aatgtgogta3480  
 40 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg3540  
 gcggctggg tggcccgggg aggggaaaaag ggtcggggga gggggtggg aaagggggga3600  
 gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgcccc cacagccggc gcctccttcc3660  
 cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gtttaaccgc ggctcttc 3708

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```

10  gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
    gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
    gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
    tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
    cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
15  aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcttcag caggggggatc attcacagtg 360
    aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
    gaccaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
    tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
    gatgaggctg aagaaaagga agacaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
20  gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggg 660
    gacaagaaga agaagaagaa gattaagaaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
    acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
    tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
    ggacagttgg aattcagagc ccttctatct gtcccacgac gtgtctcctt tgatctgttt 900
25  gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
    aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggg agactcggag1020
    gatctccctc taacatatac ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
    aggaagaatt tgggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
    aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
30  tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtact acacatctgc ctctggtgat1260
    gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaataaagg agaaccagaa acatatctat1320
    tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
    aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
    ctgaagggaat ttgaggggaa gacttttagtg tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
35  gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
    aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg ttggttgtgtc aaaccgattg1620
    gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga1680
    atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaagaaa1740
    cacctggaga taaacctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
40  gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcactctgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
    tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
    aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgtctgtgta1980
    actgaagaaa tgccacctct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
    taatctctgg ctgaggggat acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
45  ttttcaagga tgtttttctt tatttttggt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
    tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
    aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta2280
    acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gtttaactttg tgtggtctaa agtgttttagc2340
    tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
50  tgatgtttga aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcaattcc2460
    ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
    gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggagagagca2580
    agttaaagac ctacctaaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtcct2640
    gtggatggaa atgtagtgtc cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
55  gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
    gttagtgcc aatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tgggttaaca ctagctgctc2820
    caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctacagcagg gtgggggtgga gcacatgtag2880
    gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
    tcttagtgtc cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
60  acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

25  cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcgaggaggt ggagtcaaca tatcaatgga 60
    gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
    aatgatacag gacacacaat gggatgatcca ttcatgttgc agcagctctac aaatccagca 180
    ccaggaattc tgggacctcc acctccctca ttcatcttg ggggaccagc agttggacca 240
30  agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaggc 300
    agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
    taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
    aaaattaatg aggcatttat tgaaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
    tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
35  aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
    gagcttggac gtgtgatata tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
    gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
    agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
    ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
40  aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
    cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
    gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccggtg 1020
    aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg 1080
    aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca 1140
45  gttcagtggtg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa 1200
    aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa 1260
    agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaaa 1320
    atggaattaa aaatgaggaa aacacagaa caggtgctga atcttctgag aacgctgatg 1380
    atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atggtcaaag tgatgagaac aaggacgact 1440
50  atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag 1500
    actatgtgat acctaaaaca ggggttttact gtaagctgtg ttcaactctt tatacaaatg 1560
    aagaagttgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat 1620
    ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag 1680
    atttaatatg ttcaaagaaa ataatggttc tttgttttta atgttaacct ttttaataa 1740
55  caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga 1800
    tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaatata catatggtta agttaatgaa 1860

```

```

tagtttttgt tttatc tggcaacaga cagaagtact ttgta tgacttccta1920
agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaa1980
atntagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
5 agactttcat ttggagtttg aaccgcgttt gggtgcattt catttttga gaacttaatt2160
aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgtgtgtt2220
aggtataaag aaatattaag taattggcct tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
10 tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgccat aatcctagat2520
gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgaccttctg gaacagaaat ttgcatgtat2580
aatttggtt tacttgtaac tttctggtta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
ctgaagtga taccaataaa aagaaaacc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
15 gaatgttaac caaaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcaggtt 120
45 cccgcccggg agaagcgacc aaagcgcttg aggaccggca acatggtgcg gtcggggaat 180
aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacagggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtccgtgttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccctttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
50 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcatattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaaagtgg gacagaggag atggccctt tcgcttaggt 720
55 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaaaa tggatgat atctttagaa ggtgaagatg ggttgatga aatttattca 840

```

```

ttcagtggaga gtctgagaaa actgtgctgc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagtgtgtg atgcaaaaac cctaaaaaaa1020
gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaattgat atgatgaaac tgaagttttal080
5 aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgata tagttccttt ctctaaagtgl140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag ggggaagtgt tctctgtttt gggattttgt1200
aaatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttcctccc tgattcatgc tttggatgac1320
ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaatec tcaagtcggc1380
10 gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgtatgact ccatgagctt ggcaaagaaa1560
gatgagaaga cagacacctg tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagctttac atccccggga gcctctaccc1680
15 ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcctc tctctaaaaa aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat1800
caagtgactg ctcaaggaaat tttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaaa1860
ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgct1920
acctctgttg gaagtgtgaa tcctgctgaa aacttccgtg ttctagtga acagaagaag1980
20 gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcctcc gagccttccg ggaagaagcc2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttcttga aagcccttca agagaagtg2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgtgttcc aggatggaat tactctgatc2220
accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggtgg tgatgtggac2340
gatttatttg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcctc taattctctg tggaatgaat2520
acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatat aagtttataa agagtcattg2580
30 ttattttctg gttggtgtat tattttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgaagtt2760
cttaaccctt tccagagctc tcctttgcct gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt2820
gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
35 aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttcttt aagtggggtg ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtggtggtct catgaagaaa agaccttttg gcccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa attactaca gtagttagaa3120
ttatatcact tcaactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta3180
40 aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggatggtgtc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct ttttttcttg3300
tcctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttggtgta cagacttctt ggtaccagtg3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtgc tcactaatac acagttttgt acatgtaaca3420
45 ttaaaggcat aatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 668 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```

10  atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
    gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
    cggatgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180
    cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg240
15  ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgctgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
    gccccggcag cacggctctg ctgggtgggtg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
    tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
    acctgaagca gcaagtgcgc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
    tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
    gcaccgtgtt catgaatctg cgctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
    aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
    gaaaaaaa                                     668
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

50  ggaaaccggt ctcatgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
    ttggagccag gcttacacc cagcaacat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct120
    tggcaccacc tactcttgtg tgggtgttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaa180
    tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtcgctttt acggacactg aacggttgat240
    cggatgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa300
    acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc360
  
```

ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaatata agggagagac420  
 caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc480  
 agaagcctac cttgggaaga ctgttaccac tgcttggtg cacagtgccg gcttacttta540  
 atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatgggc tgcaatgtac600  
 5 tttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcttggtta tttctttacg ggtttgggca660  
 aaaaaagggt t 671

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1121 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87:

35

40

45

50

gggggatagc ctcggtgtca gccatctttc aattgtgttc gcagccgccc ccgcccgcgc 60  
 gtcgctctcc aacgccagcg ccgcctctcg ctgcccagac tccagccgaa ggagaagggg 120  
 ggtaagtaag gaggtctctg taccatggct cgtacaaagc agactgcccg caaatcgacc 180  
 ggtggttaag caccaggaa gcaactggct acaaaagccg ctgcaagag tgcgccctct 240  
 actggagggg tgaagaaacc tcatcggtac aggcctggta ctgtggcgct ccgtgaaatt 300  
 agacgttatc agaagtccac tgaacttctg attcgcaaac ttcccttcca gcgtctgggtg 360  
 cgagaaattg ctccaggactt taaaacagat ctgcgcttcc agagcgcagt atcggtgctt 420  
 tgcaggaggc aagtggaggc tatctggttg gcctttttga agacaccaac ctgtgtgcta 480  
 tccatgccaa acgtgtaaca attatgccaa aagacatcca gctagcacgc cgcatacgtg 540  
 gagaacgtgc ttaagaatcc actatgatgg gaaacatttc attctcaaaa aaaaaaaaaa 600  
 aaaatttctc ttcttctctg tattggtagt tctgaacggt agatattttt tttccatggg 660  
 gtcaaaaggc acctaagtat atgattgcga gtggaaaaat aggggacaga aatcaggtat 720  
 tggcagtttt tccattttca tttgtgtgtg aatttttaat ataaatgcgg agacgtaaag 780  
 cattaatgca agttaaaatg tttcagtgaa caagtctcag cggttcaact ttataataat 840  
 tataaataaa cctgttaaat ttttctggac aatgccagca tttggatttt tttaaaacaa 900  
 gtaaatctct tattgatggc aactaaatgg tgtttgtagc atttttatca tacagtagat 960  
 tccatccatt cactatactt ttctaactga gttgtcctac atgcaagtac atgtttttta 1020  
 tgttgtctgt cttctgtgct gttcctgtaa gtttgctatt aaaatacatt aaactataaa 1080  
 50 aaaaaagaag aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 1121

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

agtggaggag ggagagacgc tggcccgga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctggtt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
agtgcgcaca cctttgcccc tgcctgcatg accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
ccacggcgcc ggtgcaggcg tccccctcgc aagcgtaga cttctttggg aatggggccac 240
25 cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcggggggc cctgaagaag tccaatgcac 300
cgcttggtcaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgc tggctgccga gccttcctga 360
tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctggtgc 420
cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggtg ggagttcaag tgccagcatg 480
gagaagagga gtgcaaattc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
30 agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
cactatgcct gcagctctac gcccagggc tgtcgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcccc gcggacagat gctctccagc 720
caccgcacga gtatgtgccc tgggtcacgc tcaatgggaa acccttgga gatcagaccc 780
agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccgatgtc tgcccttcct 840
35 caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctcggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
ccccaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108
  
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 720 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN



(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

```

aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgctgcc acgccgacgc agaccctct 60
ctgcacgcca gcccgccgcg acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
cgccctgggtg acagcaaagg cttt gatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgtga tggtaaaaac240
ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttctgtac cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
gaaaaagtag aataaaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
taggatcatc cctttgggta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 837 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```

ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120
cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctct240
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300
ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420

```

cactgggggg gttgggggg gcttgggaaca caggtgtgta cagcggggtg tagtggaagt480  
 tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540  
 gatgaaatgt gaggatcctg ttcaatcgga aacccccgtt acctcctctt tttctttctc600  
 5 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660  
 tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720  
 taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780  
 aagtcttggg aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

35 gtaggggtcag cgtcggaggc ggtagtgcag gtggcgtttc cttgaggaag agtgagggtt 60  
 ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120  
 gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180  
 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgct tgggaggata attgggatga240  
 tgacaatgta gaggatgact tctctaata gttacgagct gaactagaga aacatgggta300  
 taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360  
 40 taatacatct tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420  
 atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480  
 gaaagagaaa aattgcgg 498

## 45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

15  cggctcgagc  tgggtacaaca  gggcacacgt  gtttcacgtt  gacaggtttg  cttggggacgc  60
    tagtaaccat  gggccttgctg  acttagccaa  agaagagtta  agaagaaaat  acacacaagt  120
    atacagactg  ttccctagttt  cttagactta  tctgcatatt  ggataaaaata  aatgcaattg  180
    tgctcttcoat  ttaggatgct  ttcattgtct  ttaagatgtg  ttaggaatgt  caacagagca  240
    aggagaaaaa  aggcatcct  ggaatcacat  tcttagcaca  cctacacctc  ttgaaaatag  300
    aacaacttgc  agaattgaga  gtgattcctt  tcctaaaagt  gtaagaaagc  atagagattt  360
    gttcgtattt  agaatgggat  cagcaggaaa  agagaaggaa  agtgattttt  ttccacaaga  420
    tctgtaatgt  tatttccact  tataaaggaa  ataaaaaatg  aaaaacatta  tttggatatc  480
    aaaagcaaat  aaaaacccaa  ttcagtctct  tctaagcaaa  attgctaaag  agagatgaac  540
    cacattataa  agtaatcttt  ggctgtaagg  cattttcatc  tttccttcgg  gttggcaaaa  600
25  tattttaaag  gtaaaacatg  ctggtgaacc  aggggtgttg  atggtgataa  gggaggaata  660
    tagaatgaaa  gactgaatct  tcctttgttg  cacaaataga  gtttggaaaa  agcctgtgaa  720
    aggtgtcttc  tttgacttaa  tgtctttaaa  agtatccaga  gatactacaa  tattaacata  780
    agaaaagatt  atatattatt  tctgaatcga  gatgtccata  gtcaaatttg  taaatcttat  840
    tcttttgtaa  tattttattt  tattttattt  tgacagtga  cattctgatt  ttacatgtaa  900
30  aacaagaaaa  gttgaagaag  atatgtgaag  aaaaatgtat  ttttctaaa  tagaaataaa  960
    tgatccatt  ttttggtaaa  aaaaagtatg  tgagatttat  tcgtaaacgt  gactacttta  1020
    tttctaaata  agagattccc  tacctgcgtc  ctacaagcag  ttcagaatgc  catgcct  1077

```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1755 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

```

5  cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
   ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
   aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtacatc ctttggcatc aaaagcccaa 180
   acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
   aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
10  gacggatatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
   tcgattcctc tcttgattaa tcatcttcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420
   gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
   gctgcagaaa tcgcaccgtt tggtgagatt ctgctaacaa accttttcaa agctctcaca 540
   ctctctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
15  ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctacagcttac acagaagcta 660
   ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatggt tgaagcaata 720
   tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aaccctgctg ctggtgtaaa ttttgaggag 780
   gctttgtttt tgggtgttac tgaatcttta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
   gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttccat 900
20  atggccttat ttctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
   gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgtc 1020
   gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
   aatgaccacc aagggtttta tcttctaaac agtataatag agcacatgcc tcctgaatca 1140
   gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa 1200
25  acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg 1260
   gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg 1320
   gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
   gcggttgcca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccac tgatggacac tgagtatacc 1440
   aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
30  accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
   ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgac ctgtaggtca aatggtgaat 1620
   aacccccaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgctg tccaggaagg 1680
   gttccatcaa tggcaaaaga ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagga 1740
   tagtagtagt tctggg

```

1755

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```

5  gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
   cggacccggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccgcgcg 120
   acgcctcccg cgagtcccgg gccctcccgg cggccctctt ctggcgcgcg gcgcagatgg 180
   gcgccccgcg aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
   gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
   aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaa 360
10 ctggctgcca aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
   gcaaaacctg aaggggcccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcatgag 480
   agcgggctct ttaaggccaa gcagtgaac ggcacctcca tgtgctgggtg tgtgaacact 540
   gctgggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
   tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
15 ttgcggaactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
   atcagatattt tgtatgagaa taatgttatc actattgato tgggtcaaaa ttcttctcaa 780
   aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
   ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
   ctggatcctg gtcaaacttt aattttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
20 cagggtctaa aagctgggtg tattgctggt attgtggttg tggatagc agttgttgct 1020
   ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
   ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
   atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
   catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgaata gtgaaacctg 1260
25 tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaaccaatc ttgaaatttg accacaagtg 1320
   tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttggc ctccatcggt aaaattattt 1380
   atgtgtaaca ttcaaattgtg tgcattaaat atgcttccac agtaaaatct gaaaaactga 1440
   tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagtcctg tacatacata cttttttatg 1500
   agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545
30

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

50

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

55

5 gcgcggtatt atcgga catctcgcac cgcgtctcgg aaacag cgcttgcagc 60  
 atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatctt 120  
 gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180  
 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggc 240  
 aatggcacaa ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300  
 cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggtc 360  
 atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420  
 aagaagtga tgaaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaaacatg 480  
 aagagtgtgt acaaatgatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540  
 10 ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aagggtttctc 600  
 cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660  
 cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720  
 gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780  
 gagttggatc aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttagga 840  
 15 actgtcagca tgttggtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900  
 aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960  
 cactatcttt ttgtactgct ggctcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020  
 ttttaaaactt gggttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat 1080  
 tccaagttgt atatttggtt tccaataaaa aaattacaat ttaccctaaa aaa 1133  
 20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 791 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

45 gccgcccgcg cggaccgcgc gagaggcggc ggcgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60  
 ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct 120  
 tttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaaat gggggggagg caccgcagct 180  
 50 ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg 240  
 catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac 300  
 agactccccc cgagaggtct ttttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt 360  
 caactggggc cgggttgtcg cccttttcta ctttgccagc aaactggtgc tcaaggccct 420  
 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg 480  
 ggagcgggct ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctcctactt 540  
 55 tgggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgtggcg ggagtgtca ccgcctcact 600  
 caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttctcca 660

taaattatgg catttttctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720  
 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tggctctgag ggggtaataa acctccttcg780  
 ggacacaaaa a 791

## 5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 599 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttccccttc ctggtgctgc ttgccctggg 60  
 aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120  
 tcctaagaaa tctgccagat gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180  
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaagctc tggatcctgt240  
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgaact atggccaatg300  
 tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgaagc gtgacttgaa360  
 gtgttgcatg ggcattgtgtg ggaaatcctg cgtttcccct gtgaaagctt gattcctgcc420  
 atatggagga ggctctggag tcctgctctg tgtgggtccag gtcctttcca cctgagact480  
 tggtccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540  
 agtgccagtt gatcaatgaa taataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaaa 599

## 40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 643 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

```

gggccccggg ctcgggcgta ggaggcgggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggggaacc 60
cgagcaggac tctccagtc tcatgcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaaggtgct ggtaacaggt ggggctggct180
acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300
aggagctgac aggccgctct gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcggtcac ccactttgct gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
tccagcttct ggagatcatg aaggccacg ggggtgaagaa cctggtgttc agcagctcag540
ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacgggggtg600
ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 860 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacattc360

```



```

aacaaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcacatcc480
tgaaaagaag gagacaggga tttttttaaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccttttt tcttcttttc ctttcttctt tctctttctt tctttttaaa atatatgtgaa600
5 gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt ggggtgtggga                                     860

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

35 cggggctcgc ccagcctggt ccgggggagag gactggetgg gcagggggcgc cgccccgcct 60
cgggagaggc gggccgggcg gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgccg 120
gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc taccaggggg cttcctatcc 300
40 tggggcctac cccgggcagg cacccccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
ctaccctgga gcacctggag cttatcccg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
accagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gagcctaccc 480
tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
gcctggggga gtggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggcacggtga agcccaatgc 600
45 aaacagaatt gcttttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacg 660
cttcaatgag aacaacagga gagtcattgt ttgcaatata aagctggata ataactgggg 720
aaggaagaa agacagtcgg ttttccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
tcacggtgt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
50 caccagtgtc tcatatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaga 960
atctaaccct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattcal1020
tcaatatccc tcttgtaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa1080
aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg1140
aggggggggg tgggt                                     1155

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 522 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaatcttg aatgatacga ttatgccca120
tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tottaggcaa aataccagct180
gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcactctcc aaaaacagta aaaataacca240
ctttttgttg ggcaatatga aattttttaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac300
tgccatgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta360
atgtgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaca480
ttctaattaa aggcctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

```

5      ccagctcgcc ctgcctagcc agggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
      gccgcttcca ataggcgttc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120
      cgcggtctctg aacgcgctga gggcggttga gtgtcgcagg cggcgagggc gcgagtgagg 180
      agcagaccca ggcatcgcgc gccgagaagg ccgggcgctcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
10     ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gaccctcccg gagcgctcggc acctgaacgc 300
      gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccgc acctgatcgc gagaccccaa 360
      cggctggttg cgtcgccctgc gcgtctcggc tgagctggcc atggcgagc gtgcgggctg 420
      aggcgagcgc ggcgtttctc gccctgctgg gatcgctgct cctctctggg gtccctggcg 480
      ccgaccgaga acgcagcatt caccgacttct gcctgggtgc gaagggtggtg ggcagatgcc 540
15     gggcctccat gcctaggttg tggtaacaat tcaactgacg atcctgccag ctgttttgtg 600
      atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
      gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
      cctctgtccc aagtgtctcc agaaggcagg attctgaaga ccaactccagc gatatgttca 780
      actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcaactgggc ttgccgtgca tccttccac 840
20     gctgggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
      gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
      agaatcctcc cctgcccctt ggctcaaagg tgggtggttct ggcggggctg ttcgtgatgg 1020
      tgttgatcct cttcctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc 1080
      aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaaga 1140
25     acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg ggaaggagg gggagactat 1200
      gtgtgagctt tttttaataa gagggattga ctcggatttg agtgatcatt agggctgagg 1260
      tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggtctg gcagggatgg gtttgctttg 1320
      gaaatcctct aggaggtcc tcctgcagtg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380
      ttctcgctg atcgatttct ttctccagg tagagttttc tttgcttatg ttgaattcca 1440
30     ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttgttt gtctgattta 1500
      tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa 1560
      tgtacaagtt taataaaaag gggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620
      aaaaaaaaaa
  
```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 605 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

```

cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacagg 60
actggcttta tctcctgact cacgggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtcctcc120
5 ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
cgctcctgggc tggctggccg tcatgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcatcggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagtg caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
10 cgaggacctg caggcggccc gcgcctcgt catcatcagc atcatcgtg ctgctctggg480
cgtgctgctg tccgtggtgg gggcggaagt gtaacaaact tgccctggagg attaaaagcg540
ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600
gggtg 605

```

15

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104:

```

40 ctcgagccga ttgggtcga gccgctcctg cagctcttct cacaggacca gccactagcg 60
cagctcgagc gatggcctat gtccccgcac cgggctacca gccacactac aacccgacgc 120
tgccttacta ccagcccatc ccgggcgggc tcaacgtggg aatgtctgtt tacatccaag 180
gagtggccag cgagccatg aagcggttct tcgtgaactt tgtggttggg caggatccgg 240
gctcagacgt cgccttccac ttcaatccgc ggtttgacgg ctgggacaag gtggtcttca 300
45 acacgttgca gggcgggaag tggggcagc aggagaggaa gaggagcatg cccttcaaaa 360
agggtgccgc ctttgagctg gtcttcatag tcctggctga gcactacaag gtggtggtaa 420
atggaaatcc cttctatgag tacgggcacc ggcttccctt acagatgggt acccacctgc 480
aagtggatgg ggatctgcaa cttcaatcaa tcaacttcat cggaggccag cccctccggc 540
cccagggacc ccgatgatg ccaccttacc ctggtcccg acattgccat caacagctga 600
50 acagcctgcc caccatggaa ggacccccaa ccttcaacct gcctgtgcca tatttcggga 660
ggctgcaagg agggctcaca gtcgaagaa ccacatcat caagggctat gtgcctccca 720
caggcaagag ctttgctatc aacttcaagg tgggtcctc aggggacata gctctgcaca 780
ttaatccccg catgggcaac ggtaccgtg tccggaacag ccttctgaat ggctcgtggg 840
gatccgagga gaagaagatc accacaacc catttggtcc cggacagttc tttgatctgt 900
55 ccattcgctg tggcttggat cgcttcaagg tttacgcaa tggccagcac ctctttgact 960
ttgccatcg cctctcggcc ttccagaggg tggacacatt ggaaatccag ggtgatgtca1020

```

```

ccttgctcta tgtccagatc taatctattc ctggggccat aactcatggg aaaacagaat1080
tatccccctag gactcctttc taagcccccta ataaaatgtc tgagggtgtc tcatgaaaaa1140
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa                      1183

```

## 5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2731 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

30 agggggggcgg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
   ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtgggtc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgctggt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgcc cttctttta cggcggatgt ggcggaacc 300
   ggaacaactt tgacacagaa gagtactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
35 cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacatgcccc tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccaggtcac gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtggg atctttggaa caggaagcag 600
   ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtgggaagcc atgctcaatg 660
40 accgccggcg cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt ctcctcggc 720
   ctogtcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtggatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
   ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
   tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgat gagctgcttc 960
45 agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagttaa ccaaggatca1020
   gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc1080
   ttcccgtaga tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccgc cctgctgccg1200
   accgaggact gaccactcga ccaggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct1260
50 ctgaagttaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa1320
   aattggtgtt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg1380
   tgggcggtgt tgtcatagcg acagtgatcg tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc1500
   gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc1560
55 agatgcagaa ctagaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct1620
   tcactaccca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga1680

```

```

tttactcatt atcgccctt gacagctgtg ctgtaacaca agtagaacc tgaacttgaa1740
ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctc tatactacat1800
tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga1860
ttctctcctg attattttat acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtgggtt1920
5 gtgacccaat taagtcctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt1980
gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgatc actatgcatt2040
ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgcttttagag agattttttt tccatgactg2100
cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac2160
10 acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcatgtag acttcaagct2220
tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg2280
taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat2340
tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct2400
ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc cggggcaaga cttttctttg2460
aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaatttttg gtggggagaa gaggcagatt2520
15 caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgataca aaagaagatg aaaatggaag2580
tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct2640
tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa2700
aactatatta ctggcagggt tataatatg c
2731

```

## 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```

45 gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgtctct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggctggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
50 cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcatcgaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaa tttgattgat 480
ttgaagaaca tgtgagagggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
55 tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780

```

```

gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt ttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcaactttcc 900
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
5 ccatattgag tcaaattggtt ggcatttcct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta1080
cattcatttta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal140
aatgctttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200
agtgggtgcga tctcagatca gtgtaccatt tgcctcccgg gctcaagcga ttctcctgcc1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgcccggct aattttttgtal320
10 atttttagtag agacagggtt tcaccatgtt gccagggtg gtttcgaact cctgacctcal380
ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag cccccgcgcc1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttaciaa tttaaaaaaa1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaata ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagga1560
gtcaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
15 cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat1680
cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac1740
ctggctctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagttaa tcttttaciaa ctgcctcgac1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca1860
ctgatgctta gatgttcag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920
20 tttttttcca tctttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac1980
tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgattg2040
tatatttgtt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa2160
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc
2194

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

50

55

```

cggaagggtg accttggtatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
ggccgcacgc ccaggcccgg gccccgacga ggccgagggt gacacctgcc ccctgcgcaa 120
aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaagc 240
taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaataa 300
gtatatattt aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggttcatt gttcgtgtct tgactgcaag 420

```

```

aaaaactgtg tagctca ggaagtggat tatctgcctc gggagga attgctggta 480
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaatt acatatcagt tgctccttaa 600
5 tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt ataatgtata atttacattc aagtttaatt 720
gtgcaacttt taaccctgt tggctggtt tttgttctgt tttgtttgt attattttta 780
actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
10 atatttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtgggtggg tgaataccac 960
tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggccctcaa tttatttgtg gtcaccagg1080
gttcagagca agaagctctg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttgttgg1140
gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca1200
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtgta atttaaactc tgggcagcct1260
15 ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaatt gtcttcagtg ttcttcagg1380
tagttgggat ctcaaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440
tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggacl500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc1560
20 tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620
gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg1680
ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaactt1740
cagaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800
25 atttcgactt gg 1812

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

50 aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgactctgt gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgcgggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgagc agaaggagc gcaagaagcg caaggcagcc180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg240
55 gcatctcttc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg360

```



agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420  
 agggcaccac ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480  
 tctctggaat ttcttgatat gaccaagaaa gcttcttata aaaagaagca caattgcctt540  
 cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac600  
 5 ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660  
 aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca720  
 aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780  
 gtacccact ggggggttg ggtaatatc tgtggtctc agccctgtac cttataaat840  
 ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 274 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109:

35

ggccggggccg gggcgagtga gagccggacg ggcaactgggc gactctgtgc ctgcgtgagg 60  
 aaaaataagt aaagatgggt aaaggagatc ctaagacgcc gagaggcaaa atgtcatcat120  
 atggatttgt tgtggaaact tgtggggagg ggctaagagg aagcagccag atgcttcagt180  
 caacttgtca gagttttcta agaagtggtc agagagggtg aagagcatgt gtgctaaaga240  
 gaaagggaaa tttgaggata tgggaaaagc ggac 274

40

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

15 ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60  
 accttttagt aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120  
 gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttattg tgggtgacaat 180  
 tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240  
 gaaaatggaa aacagatatc aggatttgga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300  
 tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360  
 agtacttggg atccccagc tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420  
 tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480  
 ccaggatata ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg gggtcattgct 540  
 gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600  
 cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatgggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660  
 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgcc 720  
 25 agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgttt attctgtagt ttcactctca 780  
 tgagtgcac tgtggcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaatgtaggt agcatccttt 840  
 gatgcttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900  
 taacacttag atttattgga ccagtcagca cagcatgcct ggttgtatta aagcagggat 960  
 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaatttatatt1020  
 30 ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaal080  
 gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt1140  
 aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg1200  
 aatatgcaca aacttggtct ctttaacca gaattatttt ggaaaattct ctaaaagttal260  
 atagggtaaa ttctctattt tttgtaattg gttcgggtgat ttcagaaagc tagaaaagtg1320  
 35 atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat1380  
 ttcagaatca gatgcacctt ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag1440  
 tgccacttca tgggtgcgaag tgaacactgt agtcttgttg ttttcccaa gagaactccg1500  
 tatgttctct taggttgagt aaccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc1560  
 tccttaataa aagagagggg ttaaaccatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat1620  
 aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattcttagt ccattttacat tgccttggct1680  
 agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag taciaaagta1740  
 gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctggttgattg tacciaaggga1800  
 tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca agcagatctc agccctctac1860  
 45 ctgagtcctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc1920  
 cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagtgtcac1980  
 aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga2040  
 agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttccttt2100  
 cctttgtagt ctctggcaag atgctttagg aagataaaag tttgaggaga acaaacagga2160  
 attctgaatt aagcacagag ttgaagttta taccggtttc acatgctttt caagaatgtc2220  
 50 gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc2280  
 aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc2340  
 acatttgatt ttttcaaatt taatatattat attagagatc tatatatgta taaatatgta2400  
 ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgttttaa2460  
 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaaa ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa2520  
 55 tgagaagtct cactgataga gggtctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa2580  
 atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaa gccaaaa 2627

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 976 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccc gcctcatcgc 60
cgatcatcgtg gtgggtcgtgg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctgg tgatcaccaa120
ccggagaaaag tcgggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
ggaaccgagc ttgtaggtag ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggt240
atcgtcccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
cctttcaaat tctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accagggtta atagatcctg360
gcctcagggt ctccctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaagtgtg ttagatggga aatagcgttg ttatcgcctt600
gggttttaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccggagga gaagaggagt660
ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
gacagacatt gcccggaac tcagtctatt tattcttcag cttgcctta ctgccactga840
tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
aaaaaaaaaa aaaaac

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1427 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttcgggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggcctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
15  gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
gaatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
attactgaat ttagatttgt gcctagtgtat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcattccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccattctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
25  cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaacttga tgaattaact 1020
taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc 1080
30  tctgagtagg cctataattc ctaccttgac tgtgtgcata atttgtaagc tagcagatct 1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcttttcgc 1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt 1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa 1320
tggttaattg tttgtttttg taatagctta acaaataaac ctaggttttc tatattaaaa 1380
35  aaaaaaaaaa aaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

```

tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60
ttttctttct ttcttttttc ttcccttttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180
10 atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccagggt tttttaccog ctttttaaga 240
tggtcaatct ttcttctccc cccaccccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgagggtgaag attccaatta 360
cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtattta 420
caatattaca gcactagcag atcagtgctc acaactcatc tttttctgct gtatctctt 480
15 caccagttgg gggagggccc gcacttccat agagtttgct gataattggt tgaacaattt 540
cttccagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600
gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatggtctc cttatcttca gaggaaagt 660
tacctccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720
actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttctcagca aacttctcag 780
20 catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctggtca ttggtgattg 840
tgatcttatt tttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
catctatctc aaaggtgact tcaatctgtg ggacccacag aggagcagga ggaattccag 960
tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag ggtctttca cttcataga1020
ccttgattgt aacagttggt tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg1080
25 taggcaccac tgtgttctt ggaatcagtt tggtcagac acctccaca gtttcaatac1140
caagtgaag gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga1200
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg1260
atggttctct gccattgaag aactctttaa ccagttgctg aatctttgga attcgagtcg1320
agccaccaac agaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca1380
30 ctttctggac gggcttcata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg1440
cccagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg1500
cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg ctttttctac ctgcgcgagg agtttctgca1560
cagctctatt gtctttcttg acatctttgc ccgtcttctt tttgtacagt ttgatgaagt1620
gttccatgac acgtggtgca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca1680
35 caacttcgaa gacaccattg tcaatggtga gaagagacac atcgaagggt ccgccaccca1740
ggtcaaacac caggatgttc ttctccccc cctcttctat caggccataa gcaatagcag1800
ctgcccagtg ctggttgatg atctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt1860
tggttgcttg gcgttgaggca tcattaaaat aggctggtac agtaacaact gcatgggtaa1920
ccttctttcc caaataagcc tcagcgggtt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa1980
40 tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggtt2040
tagtttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgctgc acagacgggt2100
cattccacgt gcggccgatg agccgcttgg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg2160
tgagctggtt cttggcggca toccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat2220
aggacggcgt gatgcggttg cctgatcgt tggcgatgat ctccacgagg ccgttcttga2280
45 acacgccgac gcaggagtag gtggtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg ccacgtcct2340
ccttcttgtc ctctctctcg gcccgcgccg cgctgagcag cagcagcatc gcggccacca2400
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta2460
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcgagcagg gggccggggg tcacaaggcg2520
ccacgaacca ggcgaaaggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact2580
50 cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gacccttag 2639

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 634 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

```

ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctacacactg cccccgccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtgccta ggcccgctag ccgcccgcct cctcctcagc120
ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcgacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tgggcctctg tcgggaccag360
tgccaggtgg acagccagtg tcttgccag atgaaatgct gcgcaatgg ctgtgggaag420
gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
25 agaaagtttc tgcctggccc tgcactctgt tccagcccac ctgcccctcc ctttttcggg540
actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaacca taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaa aaaaaaaca aaaa
634

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaaatcg aataatccta 60

```

```

ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttctt ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctcogtctt gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccg gtagttcacg300
5 ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcacc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcac480
cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacagggtc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacacccat600
10 tgaggagct gggagaccct cccacagtgc ccacccatgc agctgtctcc caggccaccc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgtctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaa 719

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

```

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcgttcca aggcattctgt gagccgcggg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatgggt gcagacatgt180
40 ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggaacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacgag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
tcctctctcc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaataa aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
45 cttataatat ctgc
494

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

acgcggctga ctacgctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttccctggctc 60
ctccttccctc cccacccttc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
cactctgcgc ttcaccatgg ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
tgtggcttgc ctctgaggca caaccaccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
ccgctttccc aggcgcctgg tggtccttgg ctcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
cttcgcctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacctttt ccctcatgac 540
cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
gaagtccctc atagggccgg agggagagcc ctcccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
catcaacatt gagcctgaca tcaagcgctt ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
tgccctttccc ctctgcctgt ttccctttcc tctcccaacc ctctgggttg tgattcaact 900
tgggctccaa gacttggtga agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa1020
taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:



(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118:

```

5  acgcaggggt gggcgtgagg gggcgtgcgc gtgcgcaggc gacgcgccga ggtactaggc 60
   agagccgtgg aaccgccgcc aggtcgctgt tgggtccacgc cgcccgctgc gccgccgcc 120
   cgctcagcgt ccgccgcgcg catgggagtg caggtggaaa ccatctcccc aggagacggg 180
   cgcaccttcc ccaagcgcgg ccagacctgc gtggtgcact acaccgggat gcttgaagat 240
10 ggaagaaaat ttgattcctc ccgggacaga aacaagccct ttaagtttat gctaggcaag 300
   caggaggtga tccgaggctg ggaagaaggg gttgcccaga tgagtgtggg tcagagagcc 360
   aaactgacta tatctccaga ttatgcctat ggtgccactg ggcacccagg catcatccca 420
   ccacatgcca ctctcgtctt cgatgtggag cttctaaaac tggaatgaca ggaatggcct 480
   cctcccttag ctccctgttc ttggatctgc cgtggaggga tctggtgcct ccagacatgt 540
15 gcacatgaat ccataatggag cttttcctga tgttccactc cactttgtat agacatctgc 600
   cctgactgaa tgtgttctgt cactcagctt tgcctccgac acctctgttt cctcttcccc 660
   tttctcctcg tatgtgtgtt tacctaaact atatgccata aacctcaagt tactcatttt 720
   attttgtttt cattttgggg tgaagattca gtttcagtct tttggatata ggtttccaat 780
   taagtacatg gtcaagtatt aacagcaca aacattagaa taggaattgg 840
20 tgttgggggg ggggtttgca agaataattt attttaattt tttggatgaa atttttatct 900
   attatatatt aaacattctt gctgctgcgc tgcaaaagcca tagcagattt gaggcgctgt 960
   tgaggactga attactctcc aagttgagag atgtcttttg gttaaattaa aagccctacc1020
   taaaactgag gtgggggatgg ggagagcctt tgccctccacc attcccaccc acctccccct1080
   taaacctctc gcctttgaaa gtagatcatg ttcactgcaa tgctggacac tacaggtatc1140
25 tgtccctggg ccagcaggga cctctgaagc cttctttgtg gccttttttt ttttcatcc1200
   tgtgggtttt ctaatggact ttcaggaatt ttgtaatctc ataactttcc aagctccacc1260
   acttccataa tcttaagaac ttttaattgac agtttcaatt gaaggtgctg tttgtagact1320
   taacaccagc tgaaagccca gccatcatga caaatccttg aatgttctct taagaaaatg1380
   atgctgggtc tcgcagcttc agcatctcct gttttttgat gcttggctcc ctctgctgat1440
30 ctacgtttcc tggcttttcc tccctcagcc ccttctcacc cctttgctgt cctgtgtagt1500
   gatttgggtg gaaatcgttg ctgcaccctt cccccagcac catttatgag tctcaagttt1560
   tattattgca ataaaagtgc tttatgcggg cttttctcaa aaaaagtgtc gagggaagg1620
   tgcagcaacg atttctcacc aaatcactac acaggacagc aaaggggtga gaaggggctg1680
   agggaggaaa agccaggaaa ctgagatcag cagagggagc caagcatcaa aaaacaggag1740
35 atgctgaagc tgcgatgacc agcatcattt tcttaagaga acattcaagg atttgtcatg1800
   atggctgggc tttcactggg tgtaaagtct acaaacagca ccttcaattg aaactgtcaa1860
   ttaaagttct taagatttag gaagtgggtg agcttggaag gttatgagat taaaaattc1920
   ctgaaagtcc attagaaaaa ccacaggatg aaaaaaaaaa aaggccacaa agaaggcttc1980
   agaggtccct gctggcccag ggacagatac ctgtagtgct cagcattgca gtgaacatga2040
   tctactttca aaggcagagg gtttaagggg aggggtgggt gcaatgggtg agggcaaagg2100
40 tctccccatc cccacctcag ttttaggtac ggccctttaa ttaacccaaa gacatctctc2160
   aacttgagga gtaattcagt cagggcagat gtctatacaa agtggagtgg aacatcagga2220
   aaagctccat atggattcat gtgcacatgt ctggaggcac cagatccctc cacggcagat2280
   ccaagaacag ggagctaagg gaggaggcca ttctgtcat tccagtttta gaagctcca2340
45 caatcgaaga cgagagtggc atgtgggtgg atgatgcctt tgccccagtg ggcaccatag2400
   gcataatcct ggagatatag tcagtttggc tctctgaccc acactcatct gggcaacccc2460
   ttcttcccag cctcggatca cctcctgctt gcctagcata aacttaaagg gcttgtttct2520
   gtcccgggag gaatcaaatt tctttccatc ttcaagcatc ccggtgtagt gcaccacgca2580
   ggtctggccg cgcttgggga aggtgcgccc gtctcctggg gagatggttt ccacctgcac2640
50 tcccatggcg gcggcgagc ctgagcgggc gggcgcgcg acgggcggcg tggaccaaca2700
   gcgacctggc ggcggttcca cggtctctgc tagtacctcg gcgc 2744

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 521 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119:

cttactgtcg tagttccgcg tctgaggctc gacgtcctgg ggtgccattg cctgcctgag 60  
tcacgtgtca gggggaagct ggaaggcgctc gttctccttt cccagctctc ctgcctgtcc120  
gccatgtttt caggccgggt ctggcttggt cttccccgt aaggaaatgg ccggggagct180  
ccaggggacc caggcgccgt cgcttcggcg gagctgggct gaccagccag gacagcgggg240  
taaaccgaa caattctgcg cgaggtaggg aggccatggc gtccggcagt aactggctct300  
ccggggtgaa tgcgtgctg gtgatggcct acgggagcct ggacttgaaa gaggagattg360  
atattcgact ctccagggtt caggatatca agtatgagcc ccagctcctt gcagatgatg420  
25 atgctagact actacaactg gaaacccagg gaaatcaaag ttgcttacia ctatctgtat480  
taggggtgaaa gctgctggga tgcccatttc gtaccttttt g 521

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

ggactgcggg cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggg tttgtctgct 60

```

gcgcccgcctc ttcgcgcctct cgttttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
accagagaaa cttttccaaac aagtaccta aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggtg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300
5 acatattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggatcgtcaa atctttttca aatttaaatgt atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttcagctc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
10 ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

```

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaccc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcttgagc accctgaaga ctcaagacca 180
40 aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaa gtaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtctca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
45 ctgcagccgg gggcttacct tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaaga ctccctcatg tacgacaccc ctcaagaggt 600
ggccgaagct ttcctgtctt cctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
50 aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
tctagtgaca tatggcacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccttcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgcatgtc atcatctca tgactgatgg1080
55 attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata1140
cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggg1200

```

5 cgggcctttg gtgaaag tgaacatcaa tgctttggct tccaag acaatgagca1260  
 acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga1320  
 tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgattal380  
 ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ccttcaaagg gacacgagag1440  
 ctgtatgggg gctgtgggtg ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttctactgt1500  
 ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat1560  
 agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc1620  
 tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca1680  
 gactatcagg cccatttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc1740  
 10 tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaagaaa1800  
 gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaaacc gccccggggg gg 1842

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

40 ggcggtata aaagccccac ccaggccagc cggtctctgct cagcatttgg ggacgctctc 60  
 agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tggtcacgaa atcctgtgca 120  
 agctcagctt ggaggggat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180  
 ataactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240  
 gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300  
 atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcacagca ctgaagtcag 360  
 ccttatcttg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420  
 45 acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480  
 agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540  
 tgtacaagac tgatctggag aaggacatta ttctggacac atctggtgac ttccgcaagc 600  
 tgatggttgc cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660  
 tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720  
 50 ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggaggggccc cacctccaga aagtatttga 780  
 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaaag atcaggaaaag aggttaaagg 840  
 agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900  
 tgctgatcgg ctgtatgact caatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960  
 aatcatggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020  
 55 gtacggcaag tccctgtact attatatcca cgaagacact aagggcgact accagaaagc1080  
 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccagca cggcctgagc gtccagaaat1140

```

ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgccaat aacagtcccc1200
gtggccatcc ctgtgagggt gacgttagca ttacccccaa cctcatttta gttgcctaag1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaagga1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
5 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaal440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
gctctgggac tgagctgtac agtatggtg cccctatcca agtgtcgcta ttttaagttaa1560
atttaaataa aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtgcgcagctg accctcgtc cgcggccgcg ctggagtcgg acgtggaagt tgctggctga 60
ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
ggcgagggag gacaggggt tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat tttccagtct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tggtactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttocaaatca gagttagttg ccatgttgga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccatttttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaacgt cagcaaccaa aggcaccggt cttgatgagg caatggaatg 660
45 gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagttca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtg cttcacacta ctagatgtta 780
aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatattct atttgtatgg aattcttatt 960
50 caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa 1020
aaaaaaaaaa aaa 1033

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

ICLLVHFVSR AKTVNLTFYS WWVITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60  
TPVCL 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIIVVRD NIAISGMLQA60  
FKIA 64

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60  
T 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTTLFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60  
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPKK SLDFVFYKNS60  
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYTFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTTS60  
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60  
EWNQKNVVSU 70

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60  
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LRKRFETTAV120  
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180

SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIUSG FSSKMKVVAS240  
 RLLEKYPQAI YTLCCSSCALN MWLAKSVPVM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300  
 AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINS DT NIRWNNYIAG360  
 RAFVLCSAVS DFDFIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420  
 GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESY KETLSVPTVE 60  
 HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120  
 WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180  
 KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDLD LMVDYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60  
 LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGECSWTA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

15 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60  
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

25 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFICK QHTRKAELRN60  
ADVYGKKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

5 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60  
AMYKLG 67

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

10 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

25 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

30 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

45 SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60  
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSANTGL IVSLEKELAP120  
LFEELRQVVE VS 132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

15

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60  
NFLYKNRFRS SAMMNPILLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120  
APGSTF 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

35

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPPEL EYIPRKRKGN PMKAVGLAWA IGFCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120  
40 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSQV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPQGGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESEGSG 60  
SEKSSAASEE EEEKESEEA LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSGDSGY HTACLRPPLM120  
30 IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLV ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180  
PDFSEDQEEK KKDSKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240  
GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120  
ADDPSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180

SSTSS

185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

SGGFQSHSIL IYQTLQVILM YSNFETISRK ELLPLVWRYK RLTSYIKELP FPELLMESS 59

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- 25 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

40 NTSKSLGGFG KSECCDFENL HSREEDSSEV LAPASRKGD QESTYYMKHM PGTDGLDPSW60  
GYARA 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 45 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

10 KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPPFAE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60  
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNNLP120  
NAKEFVPGVK YGNI 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60  
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAQINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120  
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:



LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLEDFDFF FFYVIFGKTH SELYLVT 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

- 5 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLC60  
 L 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- 25 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- 45 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

10 KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

30 LIGVLSMLKI YTGQLQEITG EKLVSPPNKD FSVGFCLSWN LKETNGQSFE WEKARCLLP60  
LRCPFYIPLV GAHILPRLES RYGVWNTS 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

50 IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60  
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPD DASASGPRGG120  
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60  
 GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- (A) LÄNGE: 214 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60  
 SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120  
 PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180  
 KVVYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

10

PNFYRGFIFN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFERSGLNRM LEPRLDSDTL60  
RF 62

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKWTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60  
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

LLISRKIKQ NTSPARLTCV YIIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60  
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 222 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

RRPLFILRDR SRLPPRRLAP KTSMVVGRGR DVLGVAAGEA AAGKMADGKA GDEKPEKSQR 60  
AGAAGGPTEE AEKPVKTKTV SSSNGGESS RSAEKRSAAE EAADLPTKPT KISKFGFAIG120  
SQTTKKASAI SIKLGSSKPK ETVPTLAPKT LSVAAAFNED EDSEPEEMPP EAKMRMKNIG180  
RDTPTSAGPN SFNKGKHGFS DNQKLWERNI KSHLGNVHDQ DN 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

LPMANPNLEI FVGFEVGRSAA SSSADRFSA LRLSPPLLE ETVLVFTGFS ASSSGPPAAP 60  
ARCDGSGFSS PAFPSAIFPA AASPAATPRT SRPRPTTIEV FGASRRGGSL ERSRRMKRGR120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

15

PSIDLEAEES QRLLKVVWVF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60  
KREKKGKGRK RRGE 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSIIQIAQP60  
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

5 LFFLFERYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60  
KTIHEE 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 10 (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

30 TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLK KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60  
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120  
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 35 (A) LÄNGE: 439 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

50 KSLLETSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60  
KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120  
EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGPIKK TKKGCRCSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180  
EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGIINK240  
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300  
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360

ATIFLNRTSG KMAIP F LEKYPSEVA RTADWRDVSE LLKPI DL RAKTIVKFSD420  
EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60  
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60  
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

10

ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60  
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

15

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60  
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60

FFHKKCIFLL PALSABG QIQRQRLSGH

90 .

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 5 (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
 SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 25 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60  
 PLPQSHQPAR GAD 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

10 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120  
VVFLFVYFLP 130

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60  
RV 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

AVYCILHQOK VLRLYRRLR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEBONEK DMAKATQLLK 60  
 EAESEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120  
 KKLRRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

25 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
 DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
 TPFADVVCNI R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 30 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

45 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
 PPKWRQIHDL KDTQYLLNS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- 50 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKCLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60  
EALLNKTMRI RMTDGRITLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPDSFSAGE PRVLGLAMVP120  
15 GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

35

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60  
LQSRVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

40

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPAAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60  
 ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60  
 LVSFPSSAKR PWNLNCGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTPG AQTACGSRTS120  
 AFGIFLPQWG R 131

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TAPCCRCPPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60  
 TSPGRTSQLO VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120  
 YLRTVSAP 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

15 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60  
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

26 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60  
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

5 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60  
 QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

10 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

25 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60  
 LRRMKKLYIN RD 72

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

45 SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLQ GAGLQQAQNA AYSVSLPPGC VGHLWPHLRL 60  
 HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120  
 50 GCYRY 125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:



- (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

```
RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK                                     200
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

```
AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVHLHAD EDRESEHEGH RGHNPCCGHR F          111
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

10 EIWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60  
 LETLFKLFSL LDEKDKGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

15 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:  
 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

30 ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60  
 PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

35 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

50 KTTIHGPCQN HLPPPHCFLK RRGTLKGDG IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60  
 SGWHESLSLP SCSFMTNVR TQ 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 5 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

RPPPSRSSL AGQTNTQSH SARES

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

40 TMPSSLSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSSLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60  
 ISWASMVPEW L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 45 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

10 IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60  
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

30 HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60  
VSTYRISRQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSRLAAV A 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

35 (A) LÄNGE: 10 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

50

TPFPFSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAAH ASLRFACLLL LFNRFGRQW IFLRLCLLQ 60  
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLK YVR PGGGFVPNFQ 60  
 LFEKGDVNGE KEQKFYTF LK NSCPPTAELL GSPGRLFWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120  
 PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPPPYPYPL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60  
 PSVCMATQPR ICLLETQGS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120  
 WGQHLP AHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180  
 EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRD TT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240  
 KKKRKKKKK 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60  
SSGPVGGGRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120  
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNLPLCLR VPTTWS 156

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60  
DSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60  
 LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120  
 TGLLGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60  
 KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRGLGES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120  
 NQQKEKKEKK KKRSEFKQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60  
 LKKTAVKTVW VEGLSEDGFT YYYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120  
 SKSSDSHSDS DGEQAEAEQG VSTETEKPKI KFKENKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180  
 SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFE240  
 KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60  
REEKKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60  
KGNEVMIQ 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLL LVALSYTLAR DTTVKPGAKK DTKDSRPKLP 60  
QTL SRGWGDQ LIWTQTYEEA LYKSKTSNKP LMIIHHLDEC PHSQALKKVF AENKEIQKLA120  
EQFVLLNLVY ETDDKHLSPD GQYVPRIMFV DPSLTVRADI TGRYSNRLYA YEPADTALLL180  
10 DNMKKALKLL KTEL 194

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

15 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

30 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQOSVS VNNEHNVANV 60  
DNNNGWDSWN SIWDYGNNGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQKGKGP120  
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180  
WIVDISFCGD TVEN 194

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

40 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHVVHN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60  
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPPEFMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60  
 LLLLALVAGE VLQDHRLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFAST 119

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60  
 RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120  
 RSHSSFSDRF RRSLMT 136

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

10 TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYYFSDK IQMPLLCGY RNPSTGNKAH 60  
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

(A) LÄNGE: 204 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

30 LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKR KEKKKKAKGF 60  
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTPQMI QAKLLKADLH120  
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180  
35 GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAGSE QQQQSA E RQPVALMRLI SFNVPHIKNS TGEPT LI YDRFGQDIIS 60  
 PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMC DLR NQLYESYYLN120  
 FISAI SRSL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180  
 5 RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240  
 NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLN RVNLEES300  
 SGVENS PAGA RPKRKNKKS DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360  
 LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420  
 LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480  
 KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540  
 10 LVLKQQNL PV TRILDNL MEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600  
 GGNYIEYQNL VDYIKGQKG HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

- 15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

30 GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAA LVVDREVPVA AGKLPSRMP ICEH MVESPT 60  
 CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKD GK C 101

## 35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- 40 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLP SFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60  
 SPSVPQTRLD IWEQVG DSTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120

ILG

123

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- 5 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKENLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLISIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 25 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60  
ITVASTS 67

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 50 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

10 TIISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKG LQEVAEQLEL ERIGPQHQA 60  
SDSLLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLSGSSY VQNGTGNAE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

15 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

35 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSE LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60  
IYTRKRSINI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120  
LRCHSYKPP ISHPYIYNNP SRMNLRLGLS RQSHLDPIR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180  
PRNRKQPNR IKLRCR 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

40 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLETAICA 60  
 LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIIHSLAD120  
 5 EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

10 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

25 FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60  
 SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120  
 NLE 123

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

30 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60  
 ILSSIEFMVT QCQVVIIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120  
 50 GDSRRMKIK 129

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60  
 EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

SMMFLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60  
 TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120  
 TS 122

40

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

45

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

10 TSTTVFFFPF HLSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60  
RK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

15 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

30 ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFRL GLAECVNIID60  
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

50 GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60  
LCL 63

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

- 5 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60  
 YGGL 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 25 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

40 PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60  
 HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 45 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

10    ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60  
       DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
       LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F                                161

15    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCSRSSSS 60  
 GVFRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

35    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAHGL GDTLHGLCHR 60  
 VVGLECLDLE GHSLDVGP HQYLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120  
 L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KTKRSVKDAA KKGQKDVCI LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60  
 SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120  
 MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEEAL EA MQSRLATLRS180

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRM RG RKRRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
 ALHLCCEDYH FGE GSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

15 KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60  
EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAYTAG IVGGLSTVAM240  
40 CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

10 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

15

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60  
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120  
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180  
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

40

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60  
 LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAAAGPWR RRTSGVQORTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120  
 TSSQNVKINA REWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

10

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

25

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATTRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
 IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
 PELDGKTAKM YR 132

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

30

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

45

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60  
 LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120  
 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKKTSFE 159

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

15

ATLPDALPPA TKFFLKAFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60  
 NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

40

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
 SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
 YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
 GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGG PENEFAFNAE240  
 FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285:

## 45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

10 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPSTQPNP TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60  
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

15 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

30 DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDENR RGLIENPALL RWAYARTINV 60  
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

35 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60

DMLYSAGSRV SGRVRRGL YFGNDILANQ GTIAPARF

98

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- 5 (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LMRKTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPQHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 50 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

SKGCSITETV TVDPGSIIP LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRV VTTSVKGPLN 60  
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120  
STTFLCWQIC FQIDF 135

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60  
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFIACC120  
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWNGAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180  
ILTILSHGI 189

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

40

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60  
 5 EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120  
 PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180  
 FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240  
 SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVIAAIF IGFFLGKFIL300

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGGSGS 60  
 30 HNWGTVKDEL TESPKEYQKQ ISYNYSDDLQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
 EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAEDSVMD180  
 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGGR GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
 EAFPALA 247

## 35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60  
 DLESRAARA 69

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

5 (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGDDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60  
ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120  
AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMGN180  
NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYYGQGG MSGGGWRGMY 220

25

## Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-50, 52-57

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-50, 52-57, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.

4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1, 2, 18, 34, 51, 56, 61, 89, 98, 101, 106, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Testistumorgewebe erhöht exprimiert sind.

5. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 60, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

6. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-50, 52-57, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 15 12. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 25 14. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 30 15. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
16. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 40 17. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 45 18. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 50 19. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

20. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17 dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

5

21. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

10

22. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

15

23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

24. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

25. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 124 - 257.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

30

28. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

29. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 124 bis 257, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.

30. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123 in sense oder antisense Form.

32. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.

50



33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

5 34. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 124 bis Seq. ID No. 257.

10 35. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

15 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

37. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 123.

38. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

25 39. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

30 40. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

## Zusammenfassung

5 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Ovarumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.

10 Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

# Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

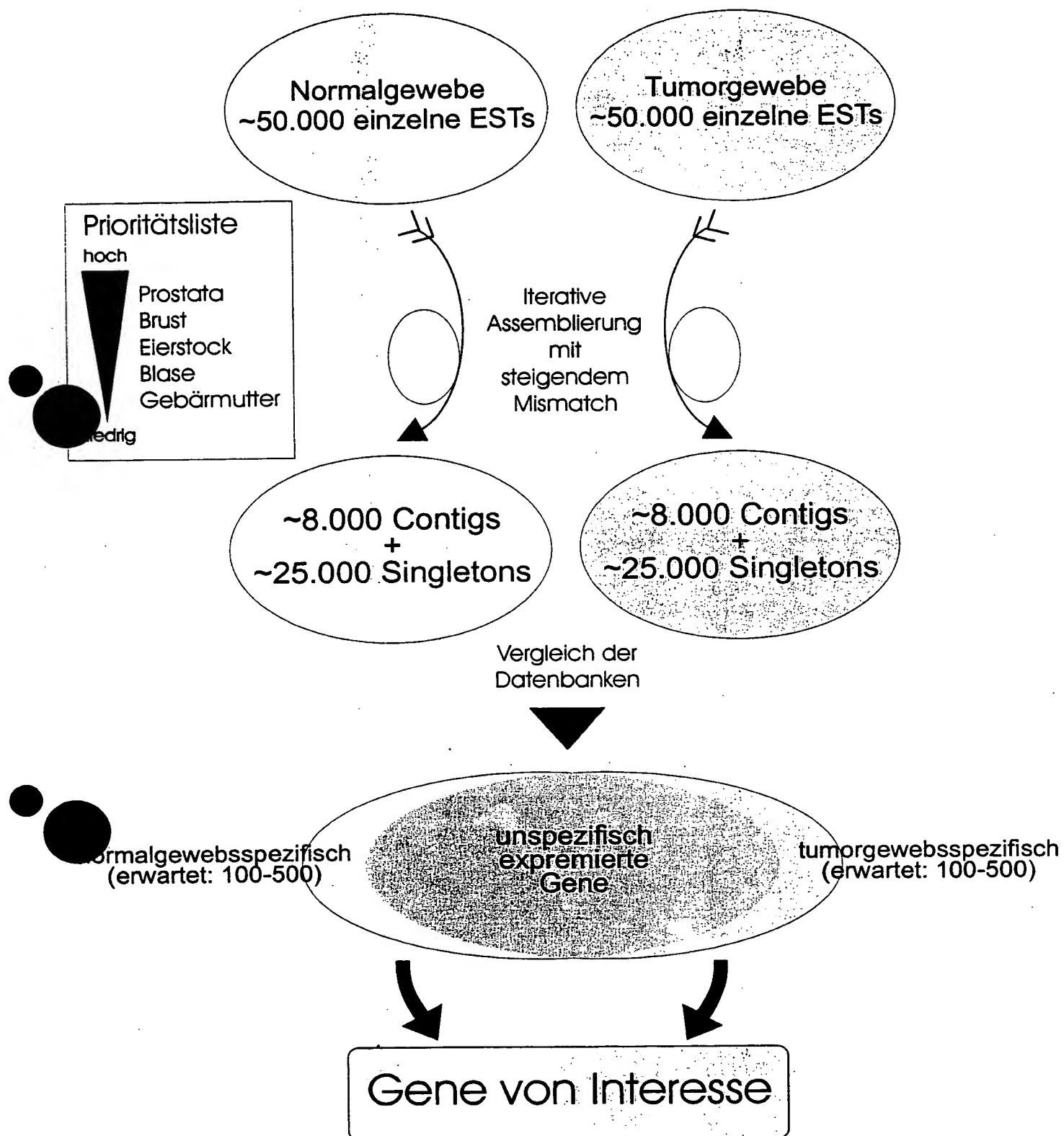


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe

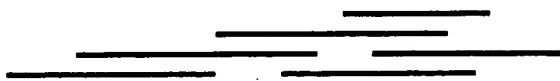


Assemblierung bei 0% Mismatch  
mit GAP4 (Staden)



Contigs

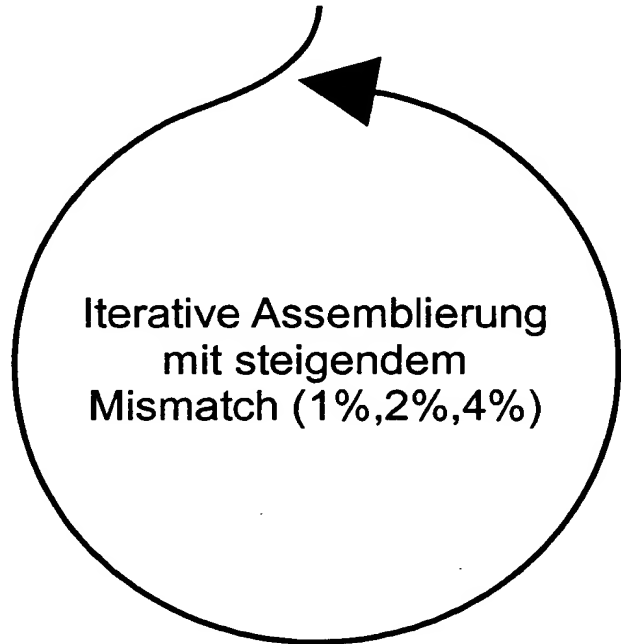
Singletons



In Anzahl und Länge  
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung  
mit steigendem  
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-  
sequenzen pro Gewebe

**metaGen**  
Gesellschaft für Genomforschung mbH

Fig. 2a

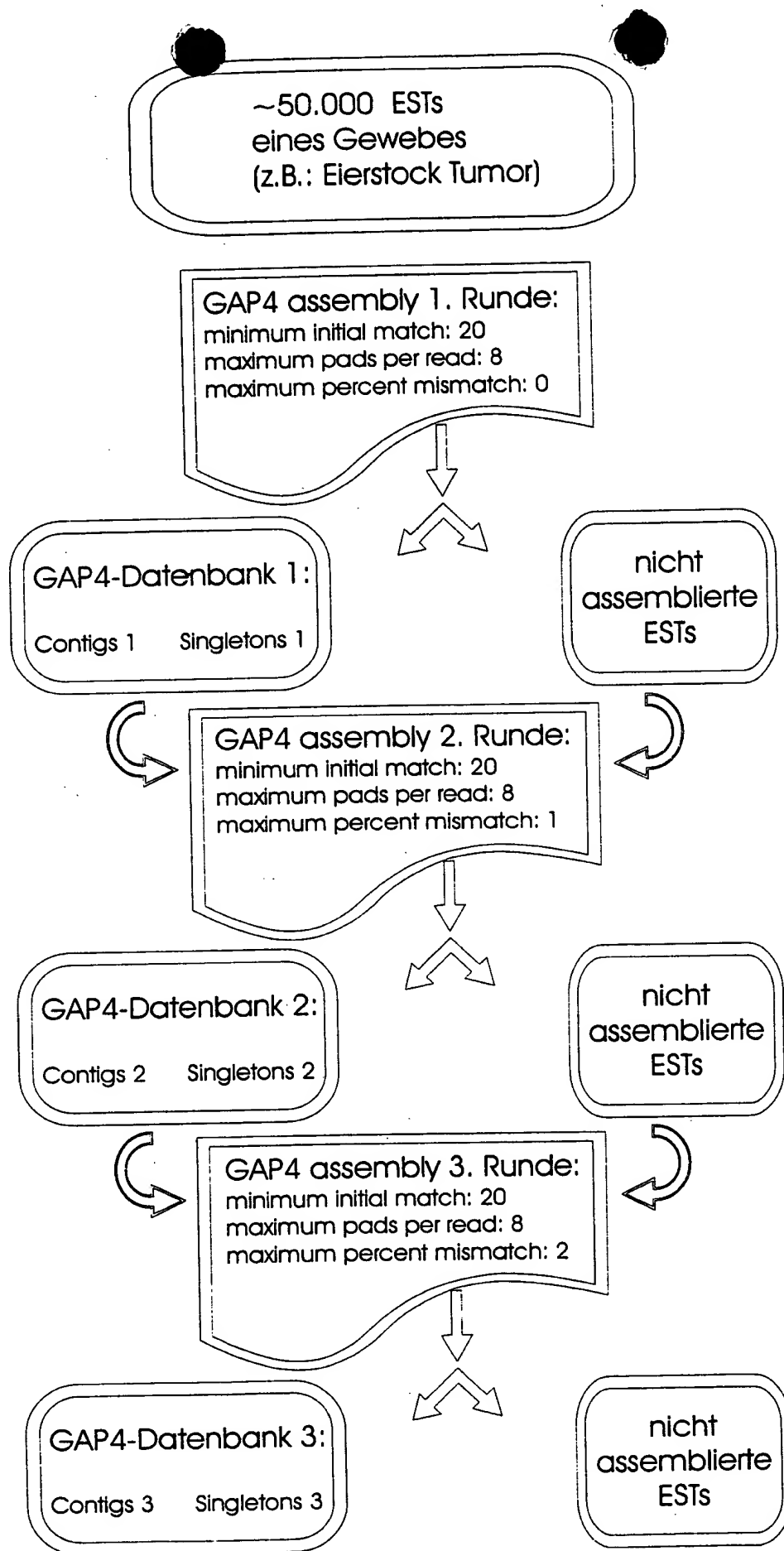


Fig. 2b1

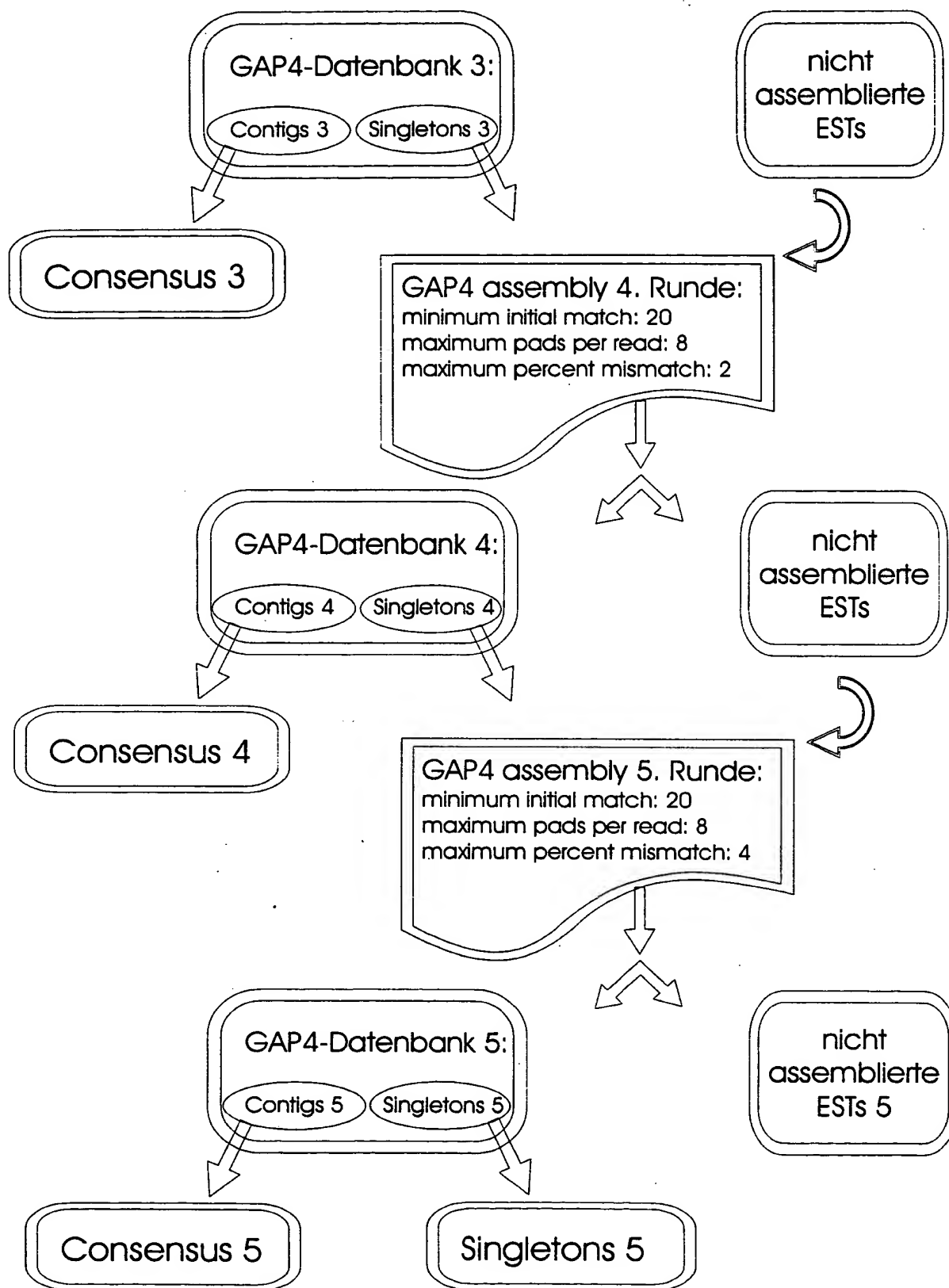


Fig. 2b2

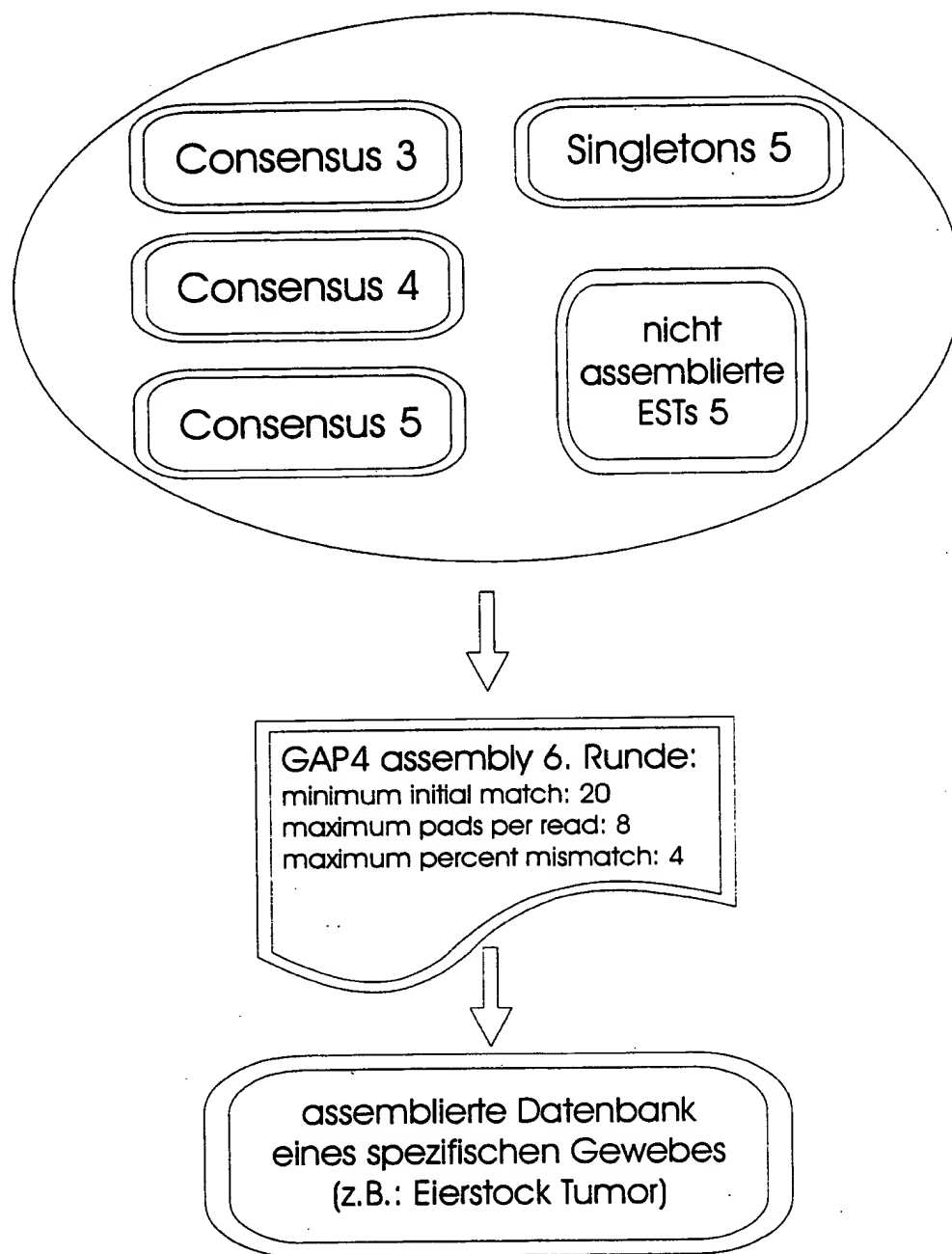


Fig. 2b3

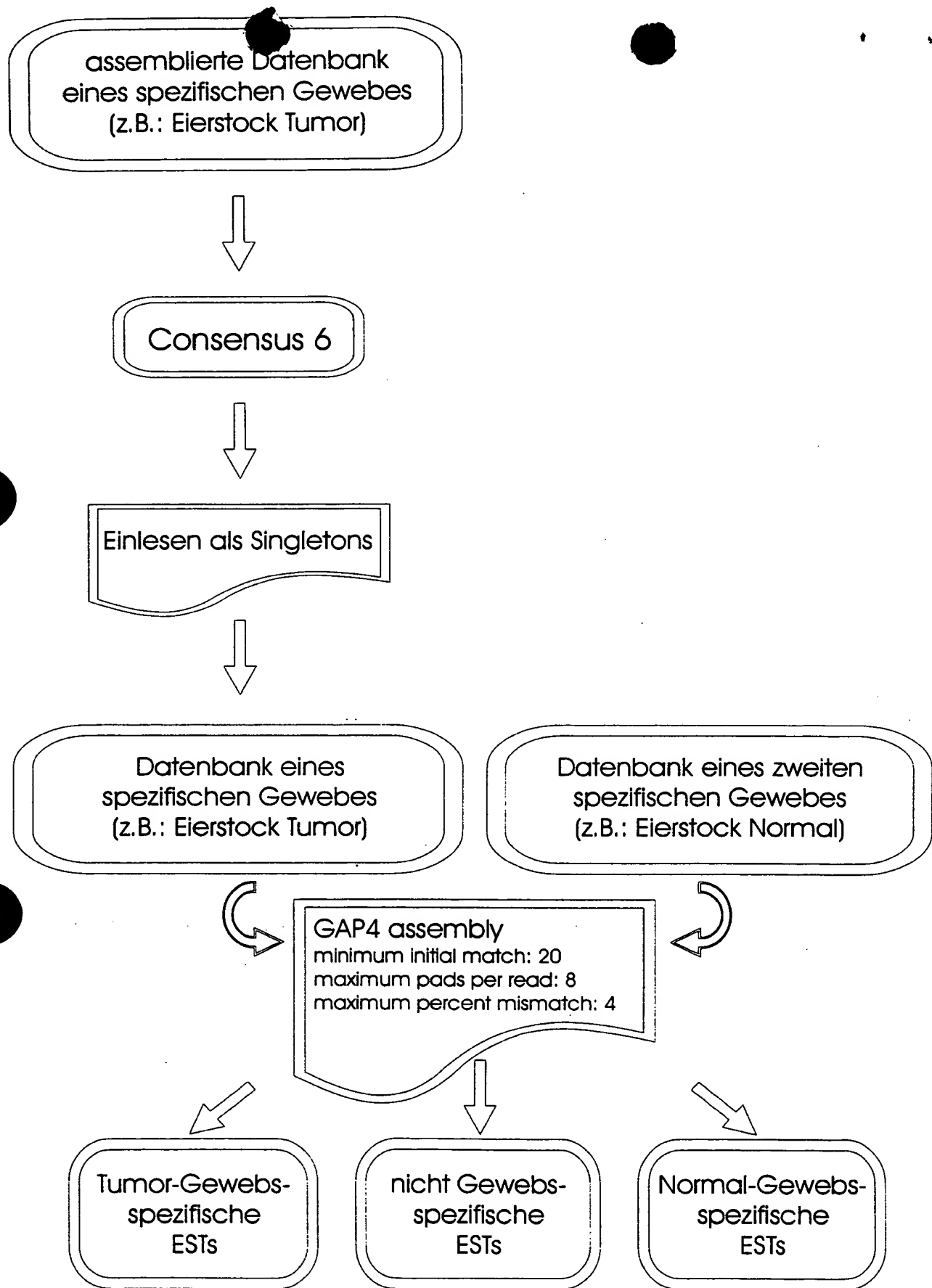


Fig. 2b4



# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe

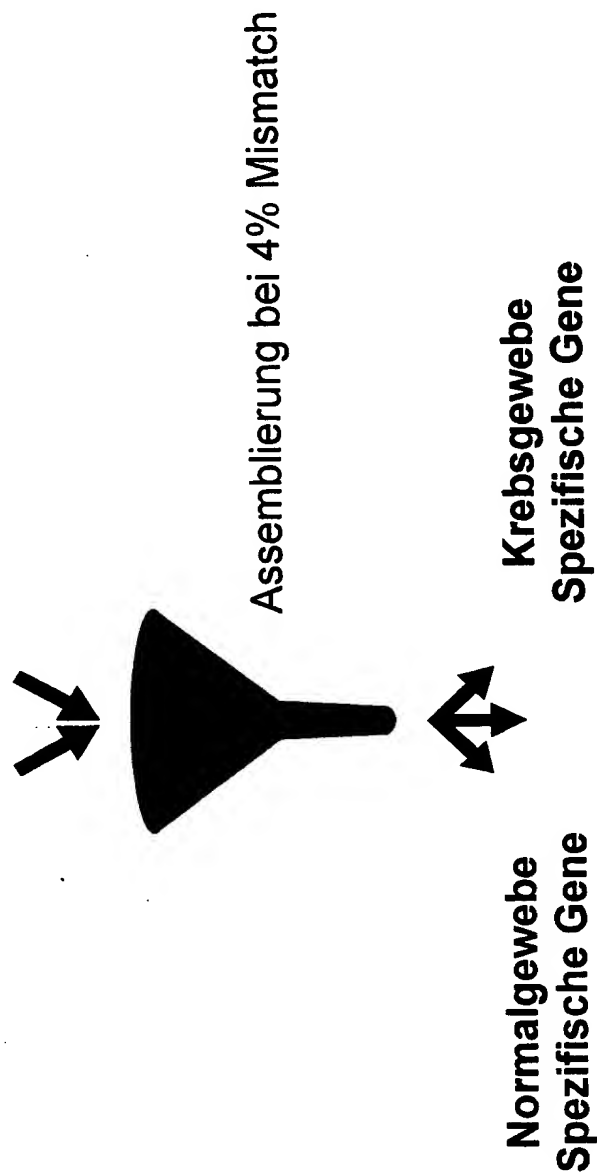


Fig. 3



Gene von Interesse



Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)



Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

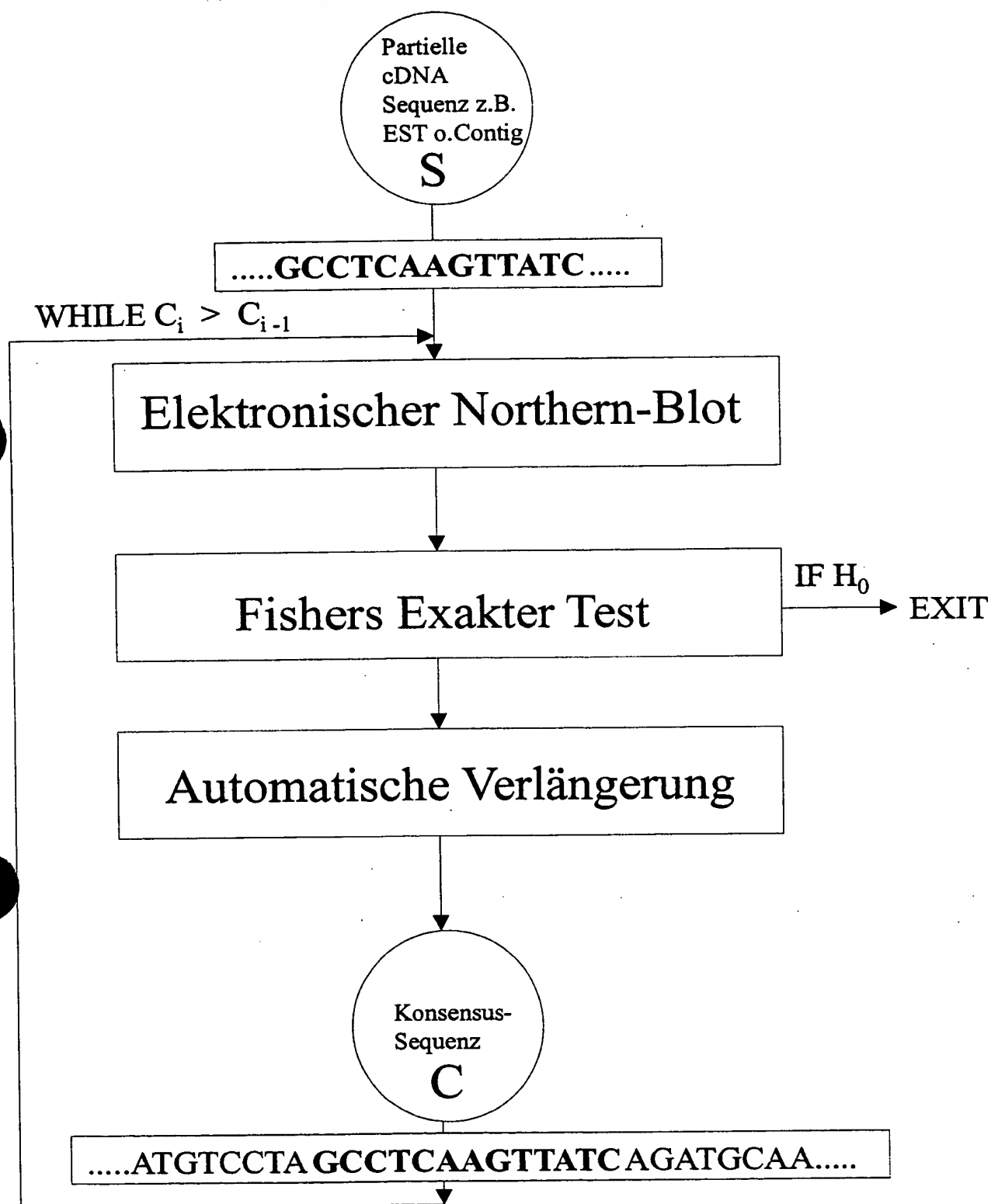


Fig. 4b

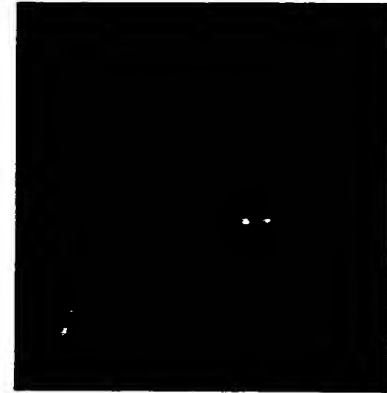
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5